

1 CTCTTACTCT TCAGCCTGAT GTCAAAAGCA AAAGTTAGA AGTCCTCAT
51 CAATAAGGAG TCCTTGTGAG CAGGTGAAGC TCATCTAATC AGGCATTCT
101 ATGATGTGGC TGCTTTAAC AACAACTTGT TTGATCTGTG GAACTTTAAA
151 TGCTGGTGGA TTCCTTGATT TGGAAAATGA AGTGAATCCT GAGGTGTGGA
201 TGAATACTAG TGAAATCATC ATCTACAATG GCTACCCAG TGAAGAGTAT
251 GAAGTCACCA CTGAAGATGG GTATATACTC CTTGTCAACA GAATTCCTTA
301 TGGGCGAACCA CATGCTAGGA GCACAGGTCC CCGGCCAGTT GTGTATATGC
351 AGCATGCCCT GTTGAGAC AATGCCACT GGCTTGAGAA TTATGCCAAT
401 GGAAGCCTTG GATTCCCTCT AGCAGATGCA GGTTATGATG TATGGATGGG
451 AAACAGTCGG GGAAACACTT GGTCAAGAAG ACACAAAACA CTCTCAGAGA
501 CAGATGAGAA ATTCTGGGCC TTTAGTTTG ATGAAATGGC CAAATATGAT
551 CTCCCAGGAG TAATAGACTT CATTGTAAT AAAACTGGTC AGGAGAAATT
601 GTATTTCATT GGACATTACAC TTGGCACTAC AATAGGGTTT GTAGCCTTTT
651 CCACCATGCC TGAAGTGGCA CAAAGAATCA AAATGAATTT TGCCTTGGGT
701 CCTACGATCT CATTCAAATA TCCCACGGGC ATTTTACCA GGTTTTTCT
751 ACTTCAAAT TCCATAATCA AGGCTGTTT TGGTACCAAA GGTTTCTTTT
801 TAGAAGATAA GAAAACGAAG ATAGCTTCTA CCAAATCTG CAACAATAAG
851 ATACTCTGGT TGATATGTAG CGAATTATG TCCTTATGGG CTGGATCCAA
901 CAAGAAAAAT ATGAATCAGA GTCGAATGGA TGTGTATATG TCACATGCTC
951 CCACTGGTTC ATCACTACAC AACATTCTGC ATATAAAACA GCTTTACCAC
1001 TCTGATGAAT TCAGAGCTTA TGACTGGGAA AATGACCGCTG ATAATATGAA
1051 ACATTACAAT CAGAGTCATC CCCCTATATA TGACCTGACT GCCATGAAAG
1101 TGCCTACTGC TATTTGGGCT GGTGGACATG ATGTCCTCGG AACACCCCCAG
1151 GATGTGGCCA GGAACTCCC TCAAATCAAG AGTCTTTCAT TAGTGCTAAG
1201 CCTATTGCCA GAATGGGAAC CCACCTTGA TTTTGTCTGG GGCCTTGATG
1251 CCCCTCAACG GATGTTCAAGT GGAAATCATA ACCTTTAATG AAGGCATATT
1301 TCCTAAATGC CAATGCATT TACCTTTTC AATTAAAGG TTGGTTTCCA
1351 AAGCCCTTAC
(SEQ ID NO: 1)

FEATURES:

5'UTR: 1 - 100
Start Codon: 101
Stop Codon: 1286
3'UTR: 1289

Homologous proteins:

Top 10 BLAST Hits:

CRA 18000004922653 /altid=gi 7434997 /def=pir G01416 lysosomal...	431	e-120
CRA 18000004903706 /altid=gi 542751 /def=pir S41408 lysosomal ...	430	e-119
CRA 18000004924799 /altid=gi 4557721 /def=ref NP_000226.1 lipa...	428	e-119
CRA 98000043616611 /altid=gi 12844223 /def=dbj BAB26283.1 (AK0...	415	e-115
CRA 98000043617058 /altid=gi 12845127 /def=dbj BAB26629.1 (AK0...	415	e-115
CRA 98000043616593 /altid=gi 12844194 /def=dbj BAB26272.1 (AK0...	414	e-115

FIG.1A

Docket No.: CL001186DIV
Serial No.: (to be assigned)
Inventors: Gennady V. MERKULOV et al.
Title: ISOLATED HUMAN LIPASE PROTEINS, ...

CRA 98000043617174 /altid=gi 12845372 /def=dbj BAB26725.1 (AK0...)	414	e-115
CRA 98000043617140 /altid=gi 12845298 /def=dbj BAB26697.1 (AK0...)	414	e-115
CRA 98000043617224 /altid=gi 12845477 /def=dbj BAB26766.1 (AK0...)	414	e-114
CRA 98000043616955 /altid=gi 12844939 /def=dbj BAB26556.1 (AK0...)	414	e-114

EST:

gi 8003062 /dataset=dbest /taxon=960...	62	4e-07
gi 8000757 /dataset=dbest /taxon=960...	54	9e-05

EXPRESSION INFORMATION FOR MODULATORY USE:

gi|8003062 Stomach normal
gi|8000757 Stomach normal

Tissue expression:

Human Leukocyte

FIG.1B

1 MMWLLLTTTC LICGTLNAGG FLDLENEVNP EWMNTSEII IYNGYPSEEEY
51 EVTTEDGYIL LVNRIPYGRV HARSTGPRPV VYMQHALFAD NAYWLENAYN
101 GSLGFLADA GYDWWMGNR GNTWSRRHKT LSETDEKFWA FSFDEMAYD
151 LPGVIDFIVN KTQEKLYFI GHSLGTTIGF VAFSTMPELA QRIKMNFALG
201 PTISFKYPTG IFTRFFLLPN SIIKAVFGTK GFFLEDKKTK IASTKICNNK
251 ILWLICSEFM SLWAGSNKKN MNQSRMDVYM SHAFTGSSVH NILHIKQLYH
301 SDEFRAYDWG NDADNMKHYN QSHPPIYDLT AMKVPTAIWA GGHDVLGTPQ
351 DVARILPQIK SLSLVLSLLP EWEPTFDFW GLDAPQRMFS GNHNL

(SEQ ID NO: 2)

FEATURES:

Functional domains and key regions:

[1] PDO00001 PS00001 ASN_GLYCOSYLATION

N-glycosylation site

Number of matches: 5

- | | | |
|---|---------|------|
| 1 | 35-38 | NTSE |
| 2 | 100-103 | NGSL |
| 3 | 160-163 | NKTG |
| 4 | 272-275 | NQSR |
| 5 | 320-323 | NQSH |

[2] PDO00005 PS00005 PKC_PHOSPHO_SITE

Protein kinase C phosphorylation site

Number of matches: 4

- | | | |
|---|---------|-----|
| 1 | 125-127 | SRR |
| 2 | 204-206 | SFK |
| 3 | 243-245 | STK |
| 4 | 266-268 | SNK |

[3] PDO00006 PS00006 CK2_PHOSPHO_SITE

Casein kinase II phosphorylation site

Number of matches: 8

- | | | |
|---|---------|------|
| 1 | 53-56 | TTED |
| 2 | 130-133 | TLSE |
| 3 | 132-135 | SETD |
| 4 | 142-145 | SFDE |
| 5 | 162-165 | TGQE |
| 6 | 185-188 | TMPE |
| 7 | 274-277 | SRMD |
| 8 | 348-351 | TPQD |

FIG.2A

[4] PDOC00007 PS00007 TYR_PHOSPHO_SITE
Tyrosine kinase phosphorylation site

161-168 KTQEKLY

[5] PDOC00008 PS00008 MYRISTYL
N-myristoylation site

Number of matches: 4

- | | | |
|---|---------|--------|
| 1 | 14-19 | GTLNAG |
| 2 | 117-122 | GNSRGN |
| 3 | 121-126 | GNTWSR |
| 4 | 175-180 | GTTIGF |

[6] PDOC00110 PS00120 LIPASE_SER
Lipases, serine active site

167-176 LYFIGHSLGT

Membrane spanning structure and domains:

Helix	Begin	End	Score	Certainty
1	3	23	1.398	Certain
2	167	187	1.637	Certain
3	248	268	0.715	Putative

BLAST Alignment to Top Hit:

>CRA|18000004903706 /altid=gi|542751 /def=pir||S41408 lysosomal acid
lipase (EC 3.1.1.-) / sterol esterase (EC 3.1.1.13)
precursor - human /org=human /taxon=9606 /dataset=nraa
/length=399
Length = 399

Score = 430 bits (1094), Expect = e-119

Identities = 211/394 (53%), Positives = 274/394 (68%), Gaps = 2/394 (0%)

Query: 2 MWLLLTTTCLICGTLNAGGFLDLENEVNPEVWMNTSEIIIYNGYPSEEYEVTTEDGYILL 61
M L CL+ TL++ G V+PE MN SEII Y G+PSEYY V TEDGYIL

Sbjct: 3 MRFLGLWCLVLWTLHSEGSGGKLTAVDPETNMNVSEIISYWGFPSEEYLVETEDGYILC 62

Query: 62 VNRIPIYGRTHARSTGPRPVYMQHALFDANAYWLENYANGSLGFLLADAGYDVWMGNSRG 121
+NRIP+GR + GP+PV++QH L AD++ W+ N AN SLGF+LADAG+DVWMGNSRG

Sbjct: 63 LNRIPIHGRKNHSKGPKPWFLQHGLLADSSNWVNLANSLLGFIADAGFDVWMGNSRG 122

FIG.2B

Query: 122 NTWSRRHKTLSSETDEKFWAFSFDEMAYDLPGVIDFIVNKTGQEKLIFYIGHSLGTTIGFV 181
NTWSR+HKTLS + ++FWAFS+DEMAYDLP I+FI+NKTQE++Y++GHS GTTIGF+

Sbjct: 123 NTWSRKHKTLSVSQDEFWAFSYDEMAYDLPASINFILNKTGQEQQVYYVGHSGTTIGFI 182

Query: 182 AFSTMPPELAQRIMNFALGPTISFKYPTGIFTRFLLPNSIIKAVFGTKGFFLEDKKTKI 241
AFS +PELA+RIKM FALGP S + T + LP+ +IK +FG K F + K

Sbjct: 183 AFSQIPELAKRIKMFALGPVASVAFCTSPMAKLGRLPDHLIKDLFGDKEFLPQSAFLKW 242

Query: 242 ASTKICNKILWLICSEFMSLWAGSNKKNMNQSRMDVYMSHAFTGSSVHNILHIKQLYHS 301
T +C + IL +C L G N++N+N SR+DVY +H+P G+SV N+LH Q

Sbjct: 243 LGTHVCTHVLKELCGNLCFLLCGFNERNLNMSRVDVYTHSPAGTSVQNMLHWSQAVKF 302

Query: 302 DEFRAYDWGNDADNMKHYNQSHPPIYDLTAMKVPTAIWAGGHDVLGTPQDVARILPQIKS 361
+F+A+DWG+ A N HYNQS+PP Y++ M VPTA+W+GGHD L DV +L QI +

Sbjct: 303 QKFQAFDWGSSAKNYFHYNQSYPPPTYNVKDMLVPTAWSGGHDWLADVVDVNILLTQITN 362

Query: 362 LSLVLSLLPEWEPTFDFWGLDAPQRMFSGNHNL 395
L S +PEWE DF+WGLDAP R++ NL

Sbjct: 363 LVFHES-IPEWE-HLDFIWGLDAPWRLYNKIINL 394 (SEQ ID NO: 4)

Hmmer search results (Pfam):

Scores for sequence family classification (score includes all domains):

Model	Description	Score	E-value	N
PF00561	alpha/beta hydrolase fold	46.7	2.5e-13	2

Parsed for domains:

Model	Domain	seq-f	seq-t	hmm-f	hmm-t	score	E-value
PF00561	1/2	112	195 ..	1	71 [. .]	38.8	6.7e-11
PF00561	2/2	294	352 ..	139	196 ..	8.0	0.19

1 TTATGGCTA ACCTTTTAA CTTTGAGTTA TTTTCAAGAG AAAATTGAA
51 AAAGCAGCCT TTGAGGAGAA AGAAGCAATC CAACAAACAA AAAGATAACC
101 ACACTGTAAT AGGAAATGTG TTTGAATAG GACATTGGAA GAAAATAAT
151 AATCATTTT ACAGGTAGAT CCCAAAGTC AGGATCTATG TTCAACCATG
201 TGTGTTCCAC CATCTTCACA ATTGAATGAG TAACCATCAT TAAGCAGTTA
251 GCTTAGGCCG TAATATGATT CTTGGACTGA GATTTCAAAA ATACCACAGG
301 CCTTCTGAAA GTTACCCCT TTCTAGCTCC ACTATCATCT AATTITATTAA
351 AAAAAAAA AAAAGGAAA ATTTGAGCTT CTAGAGAGTA GGGGCTACCA
401 TTTTGTATCC CACAGGGCCA AGGAACAAGT TTTAATGTAT TCATTTAAAT
451 TAATTCAGT ATGAGTATTG AAATATATAA TAGAAATATT GTAACATTAT
501 ATATTTCTA TATACTTTA TTATATAGAA AATATATATT ACAGAATATA
551 TTATTAATAA TTGAGAACAA ATATATAATA CAGAAAAATA TATAATACTC
601 AGTAATATAT TAAATACTTA TAAATATAGC AAGCTTATAT AGGAAGAGTG
651 ATGGAGCATT GTGAGAAAGT TTCAGCTTTA TTTCTTGAC ATTACTTTGT
701 TTCTGCACAA ACAAAAGAAT TACAGGAATT GTCCAGATTA TTCAAATAAC
751 TCGAAGTTGA GGAGGGATA TAAGTCATG ATGTAGAAC TCTTTAAGA
801 TTTGAGCTAG CCTACAATCT GTAAAGATCT GTGAAATTGA ACTATATTG
851 TGCTATTTCC ATATTAAGTC AAGGCAACAA ATCAATATTA ATAATAATAA
901 CATAGCACTT CTAGAACTTT CTAAAGAGTC CAATAAAGTT TTGTTAGAAA
951 GGATTGTTT TGAAGTTAAA AACCATGAGA AATTCCAGGA AAATCCACAT
1001 ACCTATGCCA TCATACTATC AATCAGGGCA AAACATGCTT GAGTCTTC
1051 TCAAGACTAA ATGATTAAGG AGTGGTACAT AACTTTCCC TGTTCTGACT
1101 AGCTGAACAC TTCCCTTAC TCCACATTG TTTAATTGGC ATGAAATTTC
1151 CCACTCCACT AAAACAGATC TTAGGATTTG GACAACACAA AATATCATT
1201 GTTTGAAAG GATTTGAGGA TAAATCCAAA CTAATAGAAC TGAAACTTCT
1251 ATATTATGCT GGGTAGCAAC TTAGTTTCC CTACCCCTCT TCATGCTGGG
1301 AGATGAAAGA GATTCAAGTTA CGGCTTAAGC TCCACAGGCA TACAAAGTGA
1351 AGCAGAAAAC TGAGGCACGT GTGCCCTCAT TATCTGGTAT CTCATGTGGG
1401 GCTTAGAGGT AAATTGTCGT TATTGGCCT CCATTTCTGC CTTAACAC
1451 TGGTGAAAC AAAGGTTACT GTGCCAAAGT TGACAGCAAC CCAAATCCCT
1501 TTGGCATGTG AATTAGTTTC CTCTGCCATA CTGCTAGTC CAAATTCCCT
1551 CTGGTTTCAG GATTTAGGAG TCAGGGTTGC CTATCTCT CAAATGAGTT
1601 ACAGTCACGC ACATCCCTAC AACTGCATG GTTGGCACTA GTTCCTTGAT
1651 ATATGTTACT CCGTTTGATC CTCATGAAGG ATCAAATGGG GAAGGGAGAT
1701 ACTATTGTCCT CTGATTGTCCT ATTAAGATCT TGAGTATGTT CTACTCCCT
1751 GTTTGACACA CTGGTTGAA AATGTTGCTA AGTCTTCCA ACAATGACAG
1801 ATACTCAGTG GAAACATGAA GGATTCCGTC AAACCTGGTTA TTTGCATCA
1851 TGAGACAC TATTCCCAA CCTGCAAGTG CATCATGGCC TTTGGTGTG
1901 CAGGGACACG CCTTGGGTGT GTGCTCTAGT CTAAAGCTTC CTCCTTTCA
1951 CAAGCTTCCT GTTCTCATC TCTCTAGCTT CTAACGTCA CTGTAATCAT
2001 CTCTTACTCT TCAGCCTGAT GTCAAAAGCA AAAGTTCAGA AGTTCCCTCAT
2051 CAATAAGGAG TCCCTGTGAG CAGGTGAAGC TCATCTAACT AGGTAAGATG
2101 AAGATCTATC ATAACCAGGA GGCAGGTTGG AAGGTGCCAG TTGCACTGGC
2151 AGTCAGGTGC AAGAGCTCTG CAGTGAGGCT GCCTGAGTGT CCATCCTAGA
2201 TCTCTCACCT CTTGGCTCTG TGACCTTGAG CAGGTCTTAA ATCTCTCTAA

FIG. 3-1

2251 GCCTTGTT TTTAATTGA TAAAATGAGG ATAATAATAG TACCAAAATT
2301 AGGGAGATT TCAGAGCTTA AATAACATAC GTGAACATT TAGAGTAATG
2351 CCTGCCATAA GGGGACTCGAG TAGCTTATTA TTAGTTTCAT ACAATTGAA
2401 AAGTTTCATA ATATTGCAG ATATAAGATG ATCTTCACCC AGATAGCTAA
2451 TGTATGCAA GCTATTAGC TTCAGAAGTA AACTCTGCAT TTCTAGAAGT
2501 TAAATATTAC TTTGTTATAG TGAATTATCT GTAATATTAA TCTCTGCTC
2551 ACTTTATAA GAAAAATAGT GAAAGCATT ATTAAAGAACT TACACTGCAC
2601 TAAATGTTAT ATATGACTTA ATCCTCACTA TAACCCTATG AGATAGGTTA
2651 CATTATTGTC CTAATTTAC TAACAAGGAA ACCAAGAGAC AAAGCTACTA
2701 AAACACTTGC CTGAGGTTAG ACATCTCTT CTGTGGTGG GCTGGATTTC
2751 AAATTTAGAC CATTGACTG TAGCACTTAT ATGATGAGCA TGCTGTTAG
2801 TGTTATAGTG TTGGTCTACC TTTGAATAGA CATACTTTA AACCATGGCA
2851 AGGAAGTGAG ACTGCACATT GAAATATGTA AAATTTGCCT TTGGGTGCCA
2901 CGTGAGAAAT AGTCACATCA CTAGAAACTA ATCATAAGCT TTTGTGTTG
2951 GTTAAAGTTT TATTGATCCA TTTTCTTGT TTACTTTGT GGATACTGGG
3001 CTTAACTTAGG GGATACCTCC ACTTTTACT TGCCCATGGT ATGAAAACCT
3051 GTCCTCTGAA TCTTTAGATA TTTGGCAAA TTGAGGCAA ACAAAGACTT
3101 AAAGCAATTCAACCTTGATT AAAATAAGAC CAAAATGCC TCCATACTTG
3151 ATTAAATTAA TTTCAATTAA GGAACTGGAT TATAATCAAG ACAACTTCTA
3201 CATGAAAAAA TAGATTAAATA GTGCTCCAAG TTAGTTCACT GTATTATTTC
3251 CTTTTATAC ATTATCTGCC TTGGTGTAA TTCAGTTT CATTAACTCAT
3301 TAATAATTTC ACTAATCATT TTATTCATT AATCAACATT GATAGTTAAA
3351 ATTAATCTGT GAATATTAAA TGTTTATGC CAGGCATTTC TATGATGTGG
3401 CTGCTTTAA CAACAACCTG TTTGATCTGT GGAACCTTAA ATGCTGGTGG
3451 ATTCCTTGAT TTGGAAAATG AAGTGAATCC TGAGGTGTGG ATGAATACTG
3501 TAAGTCATGG AAAACTGTGA AGAACATCAA ATAAAGCAGG ACTAATGGAG
3551 TATGAGGTTA CGAAAGGTCC TGTTGTAACA GAAAATCTCT GATAAAACAG
3601 ATAAAATGTA GATGGTTTT AACCTCTGCA AGAGTCAAGC TAGTTAGATC
3651 TTTGTCTGAA AAACAAATAC TGTCGGTAA TGAAAACCAA ATTGTGCTAT
3701 TGTGCTATCT ATCTATCTAT CTATCTATCT ATCTATCTAT CTATCTATCT
3751 ATCTATCTAT TTATCTATCT ATCTATAGAT AGAACCTCCT CTTTGAATT
3801 TATGTTTAA GAATATCAAG CTATTTGTG ATATACATGA TTGCCTCTA
3851 TTGATCTATA GTTCTATTAC TTTAAAGCA AGAGGGTCT CAAAAGACAA
3901 TTGACTTGAT AATATAGCTT TGTCAGAAAG AATGGGTCAA TGCTAAATT
3951 TCCCCCAACC CCCAAAATA TTAGCCAATA GTAGATATT TTTAAAATTC
4001 TACTTATTT GTATTAAGAC TTTATTATT AATTTACAG TTACCTGGTG
4051 CTACAAATTTCAGATAATTCC ACCCTAATAA GCACACAAACA GATGGTTTG
4101 TTTGATTCCCT TTTTATATCC TTTGGAGAAG TTCCACTAAC GACTGTATT
4151 TTACTGGCGA GAGTGAAATC ATCATCTACA ATGGCTACCC CAGTGAAGAG
4201 TATGAAGTCA CCACTGAAGA TGGGTATATA CTCCCTGTCA ACAGAATTCC
4251 TTATGGCGA ACACATGCTA GGAGCACAGG TACAAGATAT GTCTCTCCTG
4301 AAAAGGGGAC TGCAATTGACC TCCTGTTCT CAGGAGGAAT TTAATGCTAG
4351 ATATGCATCA ACAGAGTTA TCAAAATTGG TTTGAATTAT TGGATTAGTC
4401 TTTAAATAGT TATCAGGGAG GCTCACTCTT TGCTGTAA TTCTCTGAAG
4451 ACAGACAGGA ACCTAAAAAT ACAAACAGCA AGACTGATCT TGCTTAACGT

4501 AACCAGAGGT ACTTGTTAGG GTGTAAACAG AAAGGCAGAG CCTGCATTTT
4551 GTCACCTCAT TACTGATTAA TCATGTGGAA AATTGCTTTG TCCCAGGAAA
4601 ATGGATCCTC TCATTGTCAG AAGGAGATT TCTAGGTTGT ATGAAATTGA
4651 CTCTGGGCA CCCAAGAAGA ACCTCTCCTG CTCCCACTAA ATTAAAGGGG
4701 CCTCCCTCTG CAGGATAAAA ACAATCTAG TTAAATGACA ACGCATTCT
4751 GAAAAGTTTT CCAGGACTGA AAACCTTAAC ATCCACATAC ACTTTGATCT
4801 AAGGGACAGA CGGTTCATAG AATGAAAGAG TATGGTGTCA ATAAGGCTTG
4851 AATTCTAGAA TGAGGAGCCA GCCATGCCAT AGCAGGGGAA TGATACTCCT
4901 TAAAAGGGAA ATTAAACTA CAAATCCTCT GAAGTAGAAAA TGATAAGAAT
4951 AACCAAATA TCTGCAATGG TTCAATAGCA AATAATTAT TGGCAGCTGC
5001 TTACCGTGT CATTTGCAT CTTTTTCCC ACCACACATA TTAAGGAGCA
5051 GCTGAAGTC TGTTTGACAT TCTCTCCCTC TTTTATCTCC AGTTTCAGAA
5101 TGAAAAATGA GAGTGAGATA TGAGTAGTTT TACTAGTTAA AATATGAAAC
5151 ACCCAGTTAA ATTGAGGTT CAGATAAACCA ACAAATAATT TTGATAAGT
5201 CTCATTAA GATAAACTA AAAAGTCATT ATTATTTCAC TATTATCACT
5251 ATTATAAAAA TTTGTAGAG CATCCTGGAT CTTTTGCCT ACTTTGTTT
5301 TTATTTTTG CAAATCTGG CAATCCCAGG CACATGTGTG AAGGAGCTGT
5351 GAAATATAAA AGGAGAAAAC TTTTATGGGA AAGATTTGGC TTAAGGAGAG
5401 ATAATTGG AAAGATTTAG AATTAAGAT CATTCTTAAATGTAATGTT
5451 CTAAATACCT TATATCAGTT AAACCTCTCA TCAACAATAT GAGATGGGTA
5501 CCACTAATAG TCACCATTTC ACAAAATGATG AAATTAAGGC ACAACCGGTT
5551 ATGTTAAGAG GCCTAAAGTC CACAAATAGC AAGCTGACAG ACCAGAATT
5601 AAGCCCAGGC ATGCTGGCTC CAGAGCCTGT GCTCTTAGTC ATTAAATTAT
5651 AGTGCCTTAC TTGACCTTCC ACCCTGGTTA CTTGGATCT CCTGAAATGC
5701 TCTCTCTCCC TCAGAAATAC TGGAAGTTGG CAGAGGGACA CTGAGCTGAG
5751 CATATTATTG TAGTTTTAA ATGCTCTCA CTGGACAGAA GATGGGGGAT
5801 TTGAATAGAA ATTGGTGAG GAACTAATCA GTGTCCATT ACACTCACCT
5851 CCTCTCCCTC CCTGGAAGAG CTATAGGACT TGAGTAAGCA TGATAAATT
5901 CGTGTCTTG TAAACCACAC CCAGGAAATT TGTATATACA AATACATAGA
5951 GCACAGTAGT TATCAGGACA GACTTTGACA TAAAAAGAAC TGGGTTTGAG
6001 TCCCTGCTCT GGCCTCTTA TCTGGGTGGC CCTCTGGAA AGTTACTTAA
6051 CTACATAAAAG TTTGTTTCC ATATCTACAA AATGAGGTTT CTCAAAATAG
6101 CAGCTAGTTT ATAGAGTTGT TGCAAGAATT TAGTAAGCTA ATACATATAA
6151 ATACGTCAAC ATAGCACCAG GTACAAAAT ATGTGCTAA GAAACTGAAG
6201 TTACCTGATT ATAATGCTCT ATACTATTGA CAAGGGAAAA GTGAAAACAG
6251 TTTTGTGTTT ACCATGTGTG TATGTGTGTG TGTCTGTGAT GTTCCGACA
6301 TGCTCTATT AACATAAATT ACTCTCACTC TTTCTCTCTC TCTCTTCTC
6351 TTTCTCCCTC TCTCATCTTA CCCTTCCCC CACCAGGTCC CCGGCCAGTT
6401 GTGTATATGC AGCATGCCCT GTTGAGAC AATGCCTACT GGCTTGAGAA
6451 TTATGCCAAT GGAAGCCTTG GATTCCCTCT AGCAGATGCA GGTTATGATG
6501 TATGGATGGG AAACAGTCGG GGAAACACTT GGTCAAGAAG ACACAAAACA
6551 CTCTCAGAGA CAGATGAGAA ATTCTGGGCC TTTAGGTTAA TATTAGCTAA
6601 GAAAACCTAA GGGGGAAATT GGAGGCAATT TTAAAAAAAT AACGTGGACG
6651 CTATTAATGA TTATCTTGA CGCTTGAAGT CATATAGCTC CTTGTAGTTT
6701 CTGTTAAGAT CTCAAAGGAG GGTAACAGCA AGAAGCTCTG ATTTCACCT

FIG. 3-3

6751 GATTCTCCC CAAGCAAAGT ATGGCATTTC AACAAAGATCA TTTTACATC
6801 CAATTCTGTG AATTCTATGC ATTAAAAGTA TGTCCTAAGA GACAGCTCAG
6851 GAAATTATCA TGACCAATGT GCACATTATC TCAGCCAATG TTTACTGAGT
6901 GGCTACTGTA TCGCGTGTTC TAGGCCCGA ACATTCAAAC AGGAAACAGA
6951 CAAACTCTGA CCTCACAAAG CTTATGTTCA TTTTAGTGAT AATTTACAA
7001 GTCATTGCTC CTGGATTGCC AATCAACTGT GTAAAGATGA TTTGGACCAG
7051 GACCTTATTG ATTTAGAGAA ACTGTGATTG ATTTAGAGAA ACTGAGATCG
7101 CACATAGTAC CATTTTCAGG AAAACTCCAA TATTAGATTT TTAAAACCTT
7151 GTTAATGGGC AATGAAGAAG AATCTTTTT GATATCTTGT TTCTTTAAT
7201 GGAAGAGTTT TCTGCTGTCA CCAGAGGACA GGCTGATGCC TCGGATAGAC
7251 TTTCTTTCT TCAGGCCCTAA GCTCCCTGTT GGTTTGTAAA CCTGATGCTA
7301 GAACAGACTG TGTATTCCCTA TTACATTAAT AAAACATTCA GTACCCACTG
7351 AAAGTTGAG AATAGTGGAG GAATAGAATA GAATGTTATA GTCTGAGTT
7401 TTGGGCAGGG GCAAGCATCA GGAAATATTG AATCATTAGT CTTAGGAGG
7451 TGTACAACA ATTCTCCTAT TCTTGTAAAGT CCCATCTAT AGATTTCTC
7501 ACATTTCTT TTAATAAACCA GGCTCTAGC TTATGGAATA CCTGATTG
7551 CTAATGTTA TATAGGCCCT TTTGTTCCCTC CTGCTGAAG AACAAAATAC
7601 TAGTACTATG GAATATTGGT ATATATTAAA TATATATCTA TATATCCATG
7651 TGGACAGGAA TACTACTACT AACAAACATCT TACTGAGCAC CCACTGGCAG
7701 CCAGAGTCGT TTCTTTCATA CTATTAACCC CCGTTAGCAG CCCCCTAAAC
7751 CAGGTACTAC CCTGTTTATT TCCCAAATGA GAAAACATAG GCTCAGAGCA
7801 TTTCAGTAAT TTCTCAAGAG TTGCAAAGGC CATAAAATAGT AGAATCATGA
7851 TTTACAAAAC CCCTGTTTCC AAAGATGGGT ATTAAATGGT CCTAACAAATT
7901 GTGAAGCCTC ATGTGGGAGT CAGAAGTACA GGCACACAAG CCAGATGGGG
7951 AAAGGGAGGG CAAAGAAAAG CAAGAGAAGG GAAGGAAGAG GAGGGATCAT
8001 AAGGTTGAAC TTCAAATATC ATACACAAGT TTGAAAGTG TTCTCTTAT
8051 AAGGAAGTAA AATGTACATA TGCAAAAAA CAAAAGCTA CAATAGCCTA
8101 CATATAATTG GATAAAATAAT GAAATACACA TTGAATCTAA GTAAACAGCA
8151 TAGAATCTGG GTGTAAAAAA GAAGTGAGCA AGTGCTCTGA GTTTTAAACT
8201 TAAACTTGCA AGTATTATA AAAGCCCTG TTTTATTGTT CAGTTTGTAT
8251 GAAATGGCCA AATATGATCT CCCAGGAGTA ATAGACTTCA TTGAAATAA
8301 AACTGGTCAG GAGAAATTGT ATTTCATTGG ACATTCACTT GGCACTACAA
8351 TAGGTATGTT TATGAGGGTC ACTGTTAGGT GTGTTTTGA GGGTCAGTTT
8401 TCTCAGAGTC TTACAGGAGT TCACCTTTAT GTTGGAAATA AACAACTGTT
8451 ACTTATAGTG CCCTCAATTCC CCGTCTCTC GCTGGGAATA ACCCTAGTAC
8501 TCTAAGTAGC TGTGAGCCTG CAGTGCACAG ACTATATGTA GGGCAAACCT
8551 TTCCCTGGTC TCTGGTCACA GCAGCATATT GACTACGGTG ATGCAATTTC
8601 CCAGGAATAA CATGTGTTCC AAATTCAAAG AAATAATTCC ACAGAGTAAG
8651 TTTCTAGATT CCCTCTGAGC TGAAAAAGTA AAATTCAATG CCATGGAATA
8701 TGGCTGAAAC ATAATAAAATG TGCAATCAATC ATCTCTTCT CACAACCCAA
8751 ATGGGATTT TAAAAAATAA AAGGGAAGGG CTTATACCTA TATTTAAACA
8801 AATTGAAAAG GCATGGTTAT ATTTGTTTGT GAGTTGGAAC ACACAAGCTT
8851 ACTATAATAA ATCAATTGAG CTTATCTATT CAGTGTGTGA TTTAGTATT
8901 ATGAAATAGC AAGTAAATGT AAGCACTATG TAGAAATTTC TAAAGTTTT
8951 TAAGCTGACA ACTTACTTCT TAATTTACTT ACTTTACTTA ATTACTTTA

9001 CAATTTACTT TCCAGGTATT TTGGAAAGAA ATCAATAATC TAGTTCCAAG
9051 TAAAAGTTGA AAGGAACCCA CACTAATAAA AGCTTGAAT TTGTCATTGA
9101 ACTTCCACTA AAGTTCCAA TTTAAGAGA ATAATCATG TGAAAGTGCA
9151 ATATTCAGT TTAGGGAAAT ATTTTCATTA TCACCACTAT CATCAGTAAC
9201 AAACATATAT TCATTAGTAT TTTAGATTGA CAGGCACCTT CCAAGCTCAG
9251 AACAGGCAGT TAGCATCAGT CAGCATATAC TAAAAAAGTA TCAAAGAACT
9301 CATAGGAGAT CAAAATGCC ACCAATAGGC AAATAATTAC AGTATCTAAC
9351 ACTTATTGAG CATTGTTAT GTGTAGGGTC TTGTGTTCA GACCTTCCCC
9401 ACAGTATCTC CCTCTGATCT TCAAAACAAC CCGAATGTTA TTATCCCCAT
9451 CTCATAGAAG AAGAAACACA AGTCAGAAC ACAGATTCAA ACCAGATGTA
9501 TCTGATTTC ACAAATAGGT GTGTAAGGAT TCCGGAGAAA TGGTAGAG
9551 AAGAAGAAAT GACTTAGTT GGTTTGGAA AGTGGTAGG ACTTAGATAT
9601 GCTCTTATAC TTGATCTGCA AAAAAAAAAA AAAAACCATT GGAGAATTG
9651 ATTATCTGTG CTCTGTGTT CATTAGGAC ATAAATATTT TTAGTGAUTG
9701 TTGTTTGCAT TTTGGACAGA GCAATTCTG TTATGTAAGG AGCACCCACT
9751 CTTTGTAGGA CATTAGTAG GTCCAGCCC ATTAAACAGG GCTCTGCAGT
9801 CAGCGTGACC CTCAAAATC TCACCTCCAC ACATTTCAA ACACCCCTG
9851 GGGAAAGTACT ATTCCTGATT CAGAGTCTT TTATCAATTG TTCAGTCAAT
9901 TATTCAGTT CTTCTTTTC TGGCCAAGAC AGTTTTAATG TTCCAACAAG
9951 TGTTTCAGTA CACACATACA CACACACACA CACACACACA CACACACACA
10001 CACATGCTAG TGGAGGCCA GGAAGGGACC TCTGGAAACC AAATTATATG
10051 GATATTCTCC CTAGCCTACC CAGTGTGTT CTAATCTCCA TCCTCACAGA
10101 TATACAAAGG GGTGCAATGC TACTGCTGAA AGAGCAAAGC AAATGGAGAT
10151 GCCTGGCTCT TACTGGGCCA TCGTGGATGC TAGGGAAAGC CCCTTCTT
10201 TTGAAACAG GGAAGAGTCT AGAGGGTTGA AAAACACCCA GTAAGACACT
10251 GGGAGCAGTG AAATTCATT CCATAGTGAG AAAGAAAACC TGTAGAATA
10301 ACTGGGTGAT GCTGCAGAAA GAAATCAATT CACCTCTGT GACTGATTAT
10351 TTGCTCTGG AAGCTCTGTG ATTCAATTCTG GCATCTCAGA GTTAGGGATG
10401 AAATGAGAAT GTGCCAGCA TTTACCCAT GCTTGGGAAG TTTACACAGC
10451 AGTAGCTACT CCAGCAGCTT AACCATCACC TTCCCCCTGC CAACTACTCC
10501 ATTTCCCCCA ATCAAGTCAA ACTGTCCATA AATAGAATAA AATAAAATTG
10551 GAGACTTGAG AGCAGAGAAG ACTGAAGGC GATTATCTT ATAGAATAAC
10601 TCAGAAGACT TCCAATTCTT CCCAGTATG ATCACGATAG AAGGAAAAAA
10651 TGACTAAGCA GAGCCCCAT TTTGTTAGAA ACATTGGTA AGTATTATT
10701 TTTACAAGAT TGTCTTATCT CCTGTTCTCT CAGGGTTGT AGCCTTTCC
10751 ACCATGCCTG AACTGGCACA AAGAATCAAAT ATGAATTTG CCTTGGGTCC
10801 TACGATCTCA TCAAATATC CCACGGGCAT TTTTACCAAGG TTTTTCTAC
10851 TTCCAAATTCTA CATAATCAAG GTAGGCTCCT TTCAACAAAA TGACCTGAG
10901 GATCTCATTT TGGATCATAA ATCCTTATTA TTTTCAAATC TACTGTAAAG
10951 TAAAAGTAGG AAATTTAGAT AAAATCTATA GAACCTAGAC TCTGTGGGTA
11001 TGTGTTGTG TATGTGTGTC CCTGCGTGTG CGCATGCTG TGCCATAGTA
11051 TCTGCAGGTT CTGTAATACA ATTTACTATA CAAGGTCTAC AGCAGGCTGA
11101 GTATATGTCA GAATTCTAG CTGAACGTAG TGCTATATGA CAACAAGGAT
11151 TTTCTTGTG TTCCCAAGTG TTTTTGTTC CATTAGTCA GGTAGGTCAA
11201 TGAATTCAACA TTGCCAAAT GAAAGACACT TCAAGTTACC CATAATCACT

11251 GATGTCCTCA ATTTTGACAT TAGAAAAACC TGATTAATAT ATTCCCTTCCA
11301 ATATGGAAAC TTGCCCTAAT AACTAAAGCT AAGATTCCAA AGCCTAAATG
11351 TATTACAGCT CAAGTATTAA TTCAAATATT TATTGGTTAT TTTTCAGGAG
11401 TTGAAAAAGT CATTGGTTG CCAATTGTGG ATTTGGGATT TTATCTATTAA
11451 AAGGGTTTTT TTTTTTTTC TCCTTGCTTT TGTTTCTCTA CAAAGGTCAT
11501 TGCCACAATG AACACAGCAT TTAATCAAAT TCCAGATTGG CCTTTGAECT
11551 TGGGATGATG GATAAAATGG ATTTGGGCCA AAATTGAAGT CAAGGAGACC
11601 AGTTAGAATA TCAAATAAT TCATATATAA GAAAATGAGA CGTTGGTTG
11651 GGGTAGAGTG GTAGGAATGA AAAAATTAT TTGTGAGCTA ACACAAGGAA
11701 TAATTCAT AGGGCCTAAT AATAGTTAGG TCTGATAATA CTATGGTCTG
11751 ATAATAGTTT TATTGTATTG TTTACTGAGA GCACAAATGA TGTAACCTCC
11801 TTATTCAAGA GCTTTCTAG TTTATTTAA AATGTGTTGA CATCAGTTAG
11851 GTTTAATGT TTTCTATATT TGGACAGTGT GAGCAAACTA ATTTGTTAAA
11901 TTAAATTCAAG AGAGAGATAC ATCTATCTGT AAATACATAT ATGCCTTGT
11951 TGTGTTGCTC TTCCCTACATA GGTAGCTAT AAGGCAAATA ATGTTCTGG
12001 GTTATCTCAG TTTCACATT CCCACTGTCA ATATTCTGC TACTTTAAG
12051 TCCCCTATCC TGCTCTTTTC TTCCGTCAGT TTCCCCCAGA AGCTCCAAGA
12101 CCCCACCAAGG AATCCCCATC CAAGTTACT TTCCCAACTC CTGGAAGTTT
12151 CAATTGTGCT GCCTTTGTGA CATTATCATA TCTTTCTGT TCAATGGTTG
12201 CTTCTCTTG GCTCACTGTT CTCTACTTTT CAGCCTGAGA GCTGGCTAAT
12251 CTGGGACAGT ACTCGAATGC AGTGTACACA TGGGTAACAT GGAAAACCCC
12301 GATTTCCCT TATATTCAAG GTATTATTG ACCTTAAGAA AAACGTTTT
12351 ACATTTCTA CCAATTAAATG AGAAAAAAAT ATTGGCAAGC ACTGACTGGG
12401 CAGAACACAG GGAAGCTTCA CTATGGAGAA GTGAATTGG GATTGAGGGC
12451 CTTTATTGCA ATCTCCTTGT AAATAATATT TGATACTCTT CCTCATCTGG
12501 AGACACATTCTA CTAAGTAAC TTTCTGAAT AATTGGTCT CCTTGACTGA
12551 ATCAGTAAGT ACAAAATAGAT CCCCAAGCAT GGCTCTTCC TAGAATGAAA
12601 GAAATGTCAA GAAGTCTGAA GATGATTCTT GAATTTGGT TTTTGCTAT
12651 TGCTATTGG GCTTGTGTC CTTGTTGTG CTATTGAGTT GAGCTCTTA
12701 TATATTCTGG TTACTAATCC CTTGTAATAT GGATAGTCTG CAAATATT
12751 ATCTCATTCA AAGATAATTA TTATTTACTT TCATAGGCTG TTTTGGTAC
12801 CAAAGGTTTC TTTTGAAG ATAAGAAAAC GAAGATAGCT TCTACAAAAA
12851 TCTGCAACAA TAAGATACTC TGGTTGATAT GTAGCGAATT TATGCTCTTA
12901 TGGGCTGGAT CCAACAAGAA AAATATGAAT CAGGTATGTA TGATAATTAT
12951 AGGGCCATTG GATACCTTAA GAAATTCCAG CTTTCTTGT ACTCATTTG
13001 ATATATCTAT TTACTGTATA AATTCTATAG GTATTCCAAA CCCTAAAGA
13051 CAGATTTTTT TTTGCTTTA AAAATGTTA TGGGTATATA ATAGTTGTAC
13101 ATATTATGA GACACATATA TTTTGATATA AGCATACAAT GTGTAATGAC
13151 CAAATCAGGG TAATTGGGAT ATCCATCACC TCAAGCATTG ATCATTCTT
13201 TTTGTTAGAG ACATTCTAAT TTGACTCTTC TAGTTTTT GAAATATACA
13251 ATGAATTATT GTAACTATA GTCATCTAT TGTGCATGCC AGACTTTAGT
13301 CCTTCTAACG GTATTTGGT ACCCATTAAC CAATGCCTCT TTATCCTCC
13351 CCCACCCCTA CTACCTTCC CAGCCTCTGG TAACCACAT TCTTCTCACT
13401 ATCTCTATAA GGTCAGTTT TTTTAAACT CCCCTATATG AGTGAGAAC
13451 TGCACTATTG GTCTTTGT GCCTGGCTTA TTTCACTAA TGTAATGTT

13501 TCTAATTTCAT TCCACATTAT TGCAATGAC ATGATTCAT TCTTCTTATG
13551 GCTGTCTATA TGTACCACAT TTTATTTATC CACTCATCTG TTGATGGACA
13601 CTTAGGCTGA TTTCATATCT TGGTCATTGT GAATAGTGCT GTACTAAACA
13651 TGGGGGTGCA GATGTCTCTT CCATGGATTG ATTTCTTTT TTTTTCTGA
13701 ATATAGACCT AGCACTGGAA TTGCTGGATC ATATGGTAAT TCTACTTTTA
13751 GTTTTTGAG GATCCCTCAT ACTCTCCCC ATAGTTCTG TACTAATTAA
13801 CATT CCTACC AACAGTCTGT GCAAGAGITC TCTTTCTCC ACATCTTGT
13851 CAGCATCCAT TATTGCCTAT CTTTTGATA AAAGCTATTT TAACTGGAGT
13901 GAGATAGTAC TTCATTGAG TTTTAGTTCG CATTCTCTA ATGATTAGTA
13951 ATGTTGAACA TTGTTTTAA TGTACCTCTT GGCTATTGT ATGTCCTCTT
14001 TTGAGAAATG TCTACTCAGA TCTTTGTCC ATTTTAAAT CAGATTTTT
14051 TTTTGAATT GAGTTATATG ACCTCTTTAT ATATTCTGGT TACTAATCCC
14101 TTGTCAGATG GGTAGTTAC AAATATTTTCTC TCTCATTCAA CAGGTTCTT
14151 AGTCACCTT GTTGTGGTC TCCTTGCTT TGCAGAACGTT TTTTAGCTTG
14201 ACGTAATCTA ATTTGTTCAT GTTGTGTTG GTTGCCTGTG CATTGAGGG
14251 CTTACCTCAA ATTGGCCCAAG ACCAATGTCC CGGAGTGCCTT CTGTAATGTT
14301 TGTTTTTAG TAGTTTCATA GTTTAGGTC TTAAATGTGT CTAAATCCA
14351 TTTTGATTTT GTTTTGATCTGAT CTGGCAAGAG ATAGAGATCT AATTTCATT
14401 TTCTGCATAT GGATATCTAG TTTTCCCAGC ATCATTCTT GTGGAAATTG
14451 TCCTTGCCC AATGTATGTT CTTGATGCCT TTGTTAAAAA TTAGTTGACT
14501 ATAAATGTGT GGATTTATTT GTGGGTTCTT TATTCTGTT CATTGGCTA
14551 TGTGCTGTT TTTATGCCAG TATCATGCG TTTGATTAT TACAGGTTTG
14601 TAGTATAATT TGAAGTCAGG TCATGTGATG CCTCCAGCTT TGTCTTTT
14651 TCTCAGAACATC TTATATTAG AAAAACGTAAGA AGACTCCAAC AAAAACCTG
14701 CTAGAACTGA TAAACAAATT CATTAAATT GCAGGATACA ACATCAACAT
14751 ACAAAATTCA GCAGCATTTC AATATGCCAA GAGCAAATAA TCTTAAAAAA
14801 AAGAAAGAAA AAAAACAAAG AAATAATCCC ATTTATAATA GCTACAAATA
14851 AAATAAAACA CCTAGGAATA AACCATACCA AAGAAGTGAA AGATTTCTAC
14901 AATGAAAATCTA ATAAAACACT GATGAAAGAA ATTGAAAATG ACATTTAAAAA
14951 ATGGAAAGGT ATTCCATGTT CATGGATTGC AAGAATCAAT ATTGTTAAAA
15001 TGTCCATATG ATCCAAAACA ATCTACAGAT TCAATGCAAT CCCTATCAA
15051 ATACCAATGA CATTCTTCAT TGAAATAAAA AAAAGCTA AAATTAAAGT
15101 GGAACCATGA AGGTAGATGT CTGCTATACA TAGAAGATTA AGTACTCAAC
15151 AAACCTTGAA TATGAAGACT GGGGAAGTGA ATAGGCAGCT TCACTCTTCT
15201 ATTCCCTGGT GAAATTAGG AGAATGGATG TTTTATAATG GGTAGCAGTT
15251 TCTTACATGT TCTCAATCAG CCATAACTTA CTACAGTCAA TTTGAATTAA
15301 TTGCATTGAA ATATATTGGA TTAAAAATAA AATCCTAAAA AAGGAGAGAA
15351 GCACATATAA ACCTGCGTCT TATTCTCATGT GTTCTTTCT TTGTGGGTGA
15401 CTTTGTTTT GAAATAAAC CTGAAAATA ACAGGACAGG GTGGAAGGGAA
15451 GATGGGATCC CCTCTTTATG AAGAAGCAGC AGTCCTGTT TATCACCTCT
15501 TCATTTCTG TTATTGAGAA TTCAAGAAGA AGGAGGAGGA AGAGTTCACA
15551 TCCACAGACT GGTGTGGTTG AATAGTTGTC TCTACTGTAT TCCAAATAGC
15601 AGCCAATGAG GCTGTTACAG TGAAGCCAGT CCCAAGATAA TTGTTCTGTA
15651 CCCCTATTCT CTAAGAAGCT AAATTGTGTT AGACTGAAAC CCATAAGGAA
15701 CCATTGTTCA AAGTTGGCTT GTTCAAAAGT AAAGATTTT AATAGTTCT

15751 CTTAATTAGA TTATTTCTA AGACATAGAA TTATGATTAC TATTTTATCT
15801 CTATAATTT CATCTCTATA ACGTTTACAA ATACTGAAT AACCTTTGGA
15851 AAAAATTGGC TTTTAGCTTT ACTTTTGAA TATTTTATTT TATCCCCATA
15901 AAAGCCTAGG AAATTGGTAC TATGACTTTT AGTATGTTCA TTTAATAGAT
15951 GAAAACACAG AACTCAAAG ATGTTAAATA TGTTGGCAA GTTCACAAAG
16001 CTGATCATTA ACAACAACAG GGCCTGAAC CCTGGTTTC TGATTTAAC
16051 TGTGACAGTG CACCTGGGT CGCATGCATG CATCACCCCC ACACITGCAC
16101 ATAGAACCTT TCCTAGTTGG CTTTGCTCCA TGATGACCAT TACTGTTCT
16151 TCTACTTCAA AATAAGCAA TTATCCTACA GATTCAAGC TGGTACAGGT
16201 GTGCTGTCAA GCAGCCCATT CCATTAGTC GCTTGTGGTT CACTCACATT
16251 AAAGTATTGA CCTAAATGGT ATATTTATCT AGATAATTCT ACCTTGTTAT
16301 TTTCAAAGCC CCAGTCTTGT TTGCTAATTG TGTCATCAT TTTCTCTGA
16351 TTCTGAAAGG CAAAATTTG TTGGCAATT GCTGTAATAT GAGTTTATC
16401 TCCTTAGAG TCGAATGGAT GTGTATATGT CACATGCTCC CACTGGTTCA
16451 TCAGTACACA ACATTCTGCA TATAAAACAG GTAGAGTCTT AGTCATGGAA
16501 AACCATTCCA ATCCCTATT TCAATATATT TAAAAAGACA GAATTGACCC
16551 TGTTAACAGG CCTACCTAA GAATCTTAAG AGCTTGCTTC CAGTTGTCC
16601 TTGCTGCCCT CTGTATGCCT TGATTTCCCT GGAATTTAAG AGAAAGGATG
16651 TTATGGTACA GACCAAGTAG ATGACATAAA TGAACACCCAC CTTAAATCAG
16701 AGTTTAAAAA ATAGGCCCTG AACTGAAGCA AGAGGTAAC TAGGGAAGCC
16751 TCAGGAGAAC TGAGACTTCT CCAGAGAGAA GTATCTGGGAA TTTAACTTCT
16801 TTCTAATGAG GCTTGGTTT CCATGAACCTT TTCCCTTAAA CCAAGGGGGG
16851 TATTGCTCAT CTTCTGTTG AGCCCCATT GTCATAATTG TAAAATGGGT
16901 GGTTACATCC TTCTGGTGAT CTAGGAGCCC TATTTCGTC CTAGCATACA
16951 GCATTTTCT AAAATTGCT GTTAGCTTC ATGATTCTTA CCCTAACTAT
17001 TCTTTTCTA AAAAACATT TTTTCAGCTT TACCACTCTG ATGAATTCA
17051 AGCTTATGAC TGGGGAAATG ACGCTGATAA TATGAAACAT TACAATCAGG
17101 TGAGCTATT ACAGTAACCC CAGCATGCTG ATTTTGATAA ATTATAATAA
17151 AAAATTATTG GAGGGTGGAA AGACTCCTAC CTGTCATTTG GTGGCATTTA
17201 TACTGATAGA ACTTTTTTTT AAAAATTAA TAAATTAAAT TTTAATTAT
17251 TTCAGAAAAT TTATAAATT AAGAAGCATA TACAAAGAAA CTTACATCAT
17301 GTGTAATCCT TCCATCCAGA GATAACTAGA TGACTAACAA TTTGGTGTA
17351 TTTATTCCAA TTTCTCACT ATTATATTGC TTTTAGACAA CTTTTAATCT
17401 TTCTATTAACTTA CTTAAGCTAT AGTAAGAGAT AACTAATATA ACTGAGGGAT
17451 TTTAAATGC ATTTTAATG GCTACATAAT AGAAATTATT TCATAAAAT
17501 CTTTACAGCA TAAATGAATA TACACTTTT AATACCAACA GAAAATTAG
17551 AATTCCATAT GAAAGTTGAA TAAGTATTAC CCAACATTGA AGACTTGGGT
17601 CGTAAGGCAT CTTCTCCAT ATAGCTTAT GACATAAAAA TCTGTAGCCT
17651 TGTTTAGCAC CGTACTTTA ATTAATCCTG TCACCATT TCTGTTCTCA
17701 TAGCCAGGGG CTTGGCTTAT AAGTATGAAC TAAGCAAACAAATTAAATT
17751 GTTTAAGTA TTTCCCAGG CTATCATATT TTAAGCTATT TACTGGTGCA
17801 ACTATAGATT ATTAATAAGT TGTTCTGAG GATCAAAACA ATCAGACTAA
17851 TCAATTCTC AATAATGAAT TGGCCTGTTA GAGGAATAAT TCTACTAATC
17901 CTTAAAACCA CTACAAGAGA TAGACCATGT ATATTTATT TATTTTAAA
17951 AATAAGTTA AGATGTGATT TACATACAAG AACATTACTA ATTTGTGTG

18001 TCCCATTAA TAAGTTTGA CAAATATATT TATTTGTGTA ACCACACCAC
18051 AATCTAAATA TAGGACGTT ATATCACCAC TAAAAGTTT TTTCTGCTC
18101 CTGAGACTAT TTATAGACAC AAATGCGTGT ATTTGCAAAT GCTTAGAAAA
18151 GGTCTAGAAA AAAAAACAGT AAATGTTAAA GTGGTTATCT TCAGAGAGAA
18201 GAAAGAAGAA AAGAAGTGGA TGGACATGAA ACAGTAAAGG ACCCTCATT
18251 TGGACTTAC ATATGTCGT TTTCTCCAT TATTTGAAT AACATGCTA
18301 TATTTATAAA TTATTTACAT TTACAAGAAA ATGAAACAAA ATCAACACGC
18351 ACATTCAAGA TCATTATGGT CAAGTACTAA AGTATGTGAG AGTGTAAATG
18401 TCCTTAGAAT TTGGCCACAG TTAGCTGGTC CTACTCTGCT CCAAGCCGGT
18451 CCTATTTGT GAATTAATCT CATTGATGC CAATTTTAT TACATTCTCT
18501 CCAAAAAACT AGTCTCAACA GTTTGCTCTC TCCTCAAGTT CACAGCATT
18551 TCTCTGCTAT ATCTATATT TATTGAGTAT AAGAGAATTA ACCCATGTAA
18601 GCTCCATGAG GGTAGGGATT TCTCATCGTT TTGTTCACCA GTGTTTCTC
18651 ATCTGAAGA GTACATGACA ATTACTGGC TCCCAGTATC TATGTGTTGC
18701 ATTAATGAAA TTCTTAACT TTAATCTACC TCAAATGTC TCTATCTCT
18751 TGATTTCTC CTTCTTTCT CTATCAGAAA ATGATGGTCC TCTTATTTCT
18801 CAAGTTATTG CGGTCTGTG CCCTTGATCC CATCTCTTCT CACTTCCCT
18851 TCCTTCCTGC CTCCATTCTC CTGTCCTTA TGAAAACAA GCAAGACCAT
18901 CAATTCTATC AAGTTATCAT TATGTCACTC TGTTCTTATC AACATATTT
18951 TAGTATTGAA GAGGGCTTCT TCTACTTACT CCTGAACCTT GTACAATGTA
19001 GTTTAGGTCT TCATCTTTT ATCATAGCTA CCTTATTTAA AGTCACCCAT
19051 GGCTTTAAT TGCCAAATTC AATGGCCTAT CTTCACCTT TGAAATGTGT
19101 TATGTTCGTT ACCACAGTCT CCTTGAAACT CAGTCCCCTG ACTTGGACTT
19151 CCATAACACA ATGATTTCTG ATTTCTTC TGTTGTGAT TGTTCTTTT
19201 GTCCCAGGCA CTGGCTACTC CACCTTCCAC CTCTCTGAAA TCATTAGCAT
19251 TCCCCAAGGA TTCTTCAAAA CTCTCTTCT TCCTTGAGA AGTCAGCATA
19301 GCTTTAATT GGACCATTTC TATGGCTTAT CTAGATTTT TCAGGACTTG
19351 CCTTCAACCT ATTCTTCTG TAGGTGATT CATTAACGT TGCCCATATG
19401 GTAGTCCGAA GACAGACCTC CGAGAAATGA CCCTTGCTC CAAAACCTCC
19451 GCAATATGTC CAAATTCCT AGCCTGACAT TCAGACTTT ATTATCTGCC
19501 TCCAAGTTA TATCCTATCA TATTCCTTTA TATATTCTGT TCTCCAGGTA
19551 CACTGGGAAG CTTGCCATTG CTGATCATAG CCTACAAACT CCTCTGCCT
19601 CCCACTCACC CTCATCTCTG CTGTCAAAT GCAACCTTCC CTCAAGAGTC
19651 ATTTCACAGG ACCCCTCTT CTATGAAGCC CTCAGGTGGA AATAATTTT
19701 TGCCTTTTT TCCATTTAT TTTGGAGTG TTTATGGCAT TTAACATACC
19751 TTACTTTGTA TACAAATATT TGCCTTGCTC CCTCTTTGC AAATTTCTTA
19801 AAGGTAGAGA CCATTGTATG TTTCTTCAT ATGTTGCTGG TGCCTAACAG
19851 AACTATGGCC ATTGTCCACA TTCATTAGC AGCCTTGTA GTTATTGCTT
19901 TGAGGAGCTT CCTCTCATGA ATGCCCTGTC TTTCTCTCCC ACAGAGTCAT
19951 CCCCCATAT ATGACCTGAC TGCCATGAAA GTGCCTACTG CTATTTGGC
20001 TGGTGGACAT GATGTCCTCG TAACACCCA GGATGTGGCC AGGATACTCC
20051 CTCAAATCAA GAGTCTTCAT TACTTTAAGC TATTGCCAGA TTGGAACCAC
20101 TTTGATTTG TCTGGGGCT CGATGCCCT CAACGGATGT ACAGTGAAT
20151 CATAGCTTA ATGAAGGCAT ATTCCTAAAT GCAATGCATT TACTTTCAA
20201 TAAAAAGTTG CTTCCAAGCC CATAAGGGAC TTTAGAAAAA ATGGTAACCA

20251 ACAATGAGGT TGTCCCCAG CACCTGGGG GAGATGCACA GTGGAGTCTG
20301 TTTCCAAGT CAATTGTGTT AGTGTATTG ATGTTAGAG ACATCTTGCG
20351 ATGGGACCAT CTACAGGTCC TTATAAACAA TGAGGTAGAT TAGGAAAAA
20401 GATAAACAAAG TTGCTACTCT ATCTGGCATT TAAGTCTAAT TAAATTGTA
20451 TTTTAGGGC ATACCAGTAA GTATAGAAAT GTCTGAAGCT TCAAAGGAAC
20501 AGTGAATTTC CTTAAGGTG CTATATGGAA ACCTCTGTTG TCATTTATT
20551 TATATGGATT GCTATGGCAA TGGACAGAGT GTGGGATTAG GAGGAGGGCC
20601 TGTAACCTCT TTATAAAAGT TTCTTAGCTA TCCTGAAGAT GTATAGACAT
20651 TTTTACTTTT TTAGGTATTG TCAACATCG AAATTCAAAA AAGTCCCCAA
20701 AGATTCTTCC AGAGAAGCCC TCTTTCTTA CAATCTTATC CCTGGCTATC
20751 TCGTAAACG GAATCTTGA CCCATAATAG GATACATGTA TAAAATCTTC
20801 CTTATTAAAG CAGAAATAAA TTGTACAGCA TCAATATCAT TTTATAATCA
20851 TAGGGAGGCT TCTTGTGTTA GCATGTAATG CCCCCTTTAC AGGCTTTTG
20901 TTCTTGAGG GGTTGAACA TTCCATGAAA AACTGACAGA TAGGAAACTG
20951 ACAATAAAAG ATTGAGCTAA AGATGGAAGC AGAAAGTACT AGGCTAGATA
21001 GTCTCTAAC ATTAAAGTATT TTCTCCTCC ATCTAAAAG CAATGAGAAG
21051 CCACCAAAAT ATTTTACCTA ATGGAAACCT GATTGCCGCA TTTTTGTAAC
21101 CACCACTTTG GCTGCTACAT AGAGAATGGA TTAGAAGATG CCAACAAAAG
21151 ATTCTGAGCA AGTCTGTAAA TCTGATCAAG TGTTCTGATG CAGGCTGATA
21201 TCCTTCTGTG CTAAGAGAGA TGATCCTTGG AAAATCCAGA GCCAGCTCCA
21251 TAATACTTTC CTGCTCTGCT GGCAAATCCA CAAGCTGCTG GCCCCTGGAG
21301 CCATTCTTCT CTCAAAACCA GCATTCATCA ATTTAATGTA TACGTATTGA
21351 TGGGAATAA TGGTCACTAT GAAAACCATG TGATAATATG GAAAAATACC
21401 CATGATATAA TGTTATGTGA AGAGAAGAAA ATGAAACTGG TAGAACTATG
21451 TGATTGCAAA TATATACAAA TATTAACAA ATTATATGAC TTTATAAAAT
21501 ATTTGTATAT AATGAAAATC GAAGCAATAT AAAAAATAAA ATTAGTTGTG
21551 TCAGGGTAGT AACATGATGA GTGATTAATA GTTTTAATT TTTAATATAG
21601 TAATGACATA ATGTTACAAC TTGTCCAAAT CTCACAAACA TAATATTCA
21651 TAAAGGAAGA TAAACATAAA AGAATACATA TTTTATTATA CATTTTATG
21701 TAGGCTAATT GATGGTTCTG AAAGCCTTAA AAAGCTTACT TTTAGGAGGA
21751 GAATCATGCC TTGGAGGACT CTAGGGTCCA GAAAATGTC CTAATACTAG
21801 AGCTAGGTGC AGTCAGATTA ATTATAATAC ATTTCATTAT TTGCTCTGGA
21851 ATACCAAGAT GACTCCAAG CAGGAATGGA GTCTAGCAAC ACTTTACTGA
21901 TGGGAACCTT GGCCACAGAC TTGTAAATACA AATTTTGGA TATGTTGACA
21951 ATGTTCTCC TTATTTCT TACTTATACA AAGCAAGAAA TTGGCTCAC
22001 AACCTGAAA CAGACTTACC AGGTTCTCC AGTTCCCAA GCCTCAATAT
22051 CTCATTGCTA TTTTAA

(SEQ ID NO: 3)

SNPs:

DNA
Position Major Minor

165 G A

FIG. 3-10

226	A	G
231	T	C
359	A	-
544	G	T
598	C	T
1621	A	G
2330	C	T
2498	A	G
2791	T	C
2877	T	C
2879	T	C
2912	A	G
3076	G	T
3745	C	G
3752	T	-
3762	-	C T
3833	A	G
4399	T	C
4945	A	G
5056	A	G
5280	T	A
5790	A	G
5901	C	T
6457	C	T
6632	T	A
6763	A	G
6955	-	T C
7017	T	G
7151	G	T
7308	C	G
7321	T	C
7542	C	T
8597	T	C
8803	C	T
9016	G	A
9967	T	C
10008	C	T
10363	G	A
10684	T	C
11177	G	T
12345	T	C
12349	C	T
13115	C	T
13354	T	A
13373	C	G

FIG. 3-11

14677	C	G
14734	G	A
14747	A	G
14808	-	A
15086	-	A G
15414	A	G
15722	T	C
15861	T	C
16264	A	T
16314	G	A
16877	A	G
16966	T	G
17147	A	G
17219	T	C
18628	A	G
18655	T	G
18984	G	T
19407	C	T
19531	T	C
19911	C	T
20199	A	G
20243	G	A
20640	T	C
21156	G	C
21163	A	T
21425	G	A

Context:

DNA

Position

165 TTATGGCTAACCTTTAACCTTGAGTTATTCAGAGAAAATTGAAAAAGCAGCCT
 TTGAGGAGAAAGAAGCAATCCAACAAACAAAAGATAACCACACTGTAATAGGAAATGTG
 TTTGAATAGGACATTGGAAGAAAAATAATAATCATTTTACAG
 [G,A]
 TAGATCCCAAAGTCAAGGATCTATGTTAACCATGTGTGTTCCACCATCTTCACAATTGA
 ATGAGTAACCATCTTAAGCAGTTAGCTTAGGCCGTAAATATGATTCTTGGACTGAGATT
 CAAAAATACCACAGGCCTCTGAAAGGTTACCCCTTCTAGCTCCACTATCATCTAATT
 TATTAAGGGAAAAGGAAAATTGAGCTCTAGAGAGTAGGGGCTACCATTG
 TATCCCACAGGGCCAAGGAACAAGTTAACATGTATTCAATTAAATTCACTGAGT

226 TTATGGCTAACCTTTAACCTTGAGTTATTCAGAGAAAATTGAAAAAGCAGCCT
 TTGAGGAGAAAGAAGCAATCCAACAAACAAAAGATAACCACACTGTAATAGGAAATGTG
 TTTGAATAGGACATTGGAAGAAAAATAATAATCATTTTACAGGTAGATCCAAAGTCA
 AGGATCTATGTTAACCATGTGTGTTCCACCATCTTCACAATTGA

FIG. 3-12

[A, G]

TGAGTAACCACATCATTAAGCAGTTAGCTTAGGCCGTAAATATGATTCTGGACTGAGATTC
AAAAATACCAACAGGCCCTCTGAAAGGTTACCCCTTCTAGCTCCACTATCATCTAATTT
ATTAAGGAGAGGAAAGGAAAAATTGAGCTCTAGAGAGTAGGGGCTACCATTGAT
ATCCCACAGGGCCAAGGAACAAGTTAACATTGATTCTAACATTAAATTCACTGAGT
ATTGAAATATAATAGAAATTGTAACATTATATTTCTATATACTTTTATTATAT

231

TTATGGCCTAACCTTTAACCTTGAGTTATTCAGAGAAAATTGAAAAAGCAGCCT
TTGAGGAGAGAAGCAATCCAACAAACAAAAGATAACCACACTGTAATAGGAAATGTG
TTTGAATAGGACATTGGAGAGAAAATAATAATCATTACAGGTAGATCCCAAAGTC
AGGATCTATGTTAACCATGTGTGTTCCACCATCTTCACAATTGAATGAG

[T, C]

AACCATCATTAAGCAGTTAGCTTAGGCCGTAAATATGATTCTGGACTGAGATTCAAAAA
TACCACAGGCCCTCTGAAAGGTTACCCCTTCTAGCTCCACTATCATCTAATTTTATTAA
AAAAAGGAGAGGAAATTGAGCTCTAGAGAGTAGGGGCTACCATTGATCCC
ACAGGGCCAAGGAACAAGTTAACATTGATTCTAACATTAAATTCACTGAGT
AATATATAATAGAAATTGTAACATTATATTTCTATATACTTTTATTATAGAAA

359

CTTGAGGAGAAAGAAGCAATCCAACAAACAAAAGATAACCACACTGTAATAGGAAATG
TGTTTGAATAGGACATTGGAGAGAAAATAATAATCATTACAGGTAGATCCCAAAGT
CAAGGATCTATGTTAACCATGTGTGTTCCACCATCTTCACAATTGAATGAGTAACCATC
ATTAAGCAGTTAGCTTAGGCCGTAAATATGATTCTGGACTGAGATTCAAAAATACACCA
GGCCTCTGAAAGGTTACCCCTTCTAGCTCCACTATCATCTAATTTTATTAAAAAAAAA

[A, -]

AAAAAGGAGAGGAAATTGAGCTCTAGAGAGTAGGGGCTACCATTGATCCCACAGGGCC
AAGGAACAAGTTAACATTGATTCTAACATTAAATTCACTGAGT
ATAGAAATATTGTAACATTATATTTCTATATACTTTTATTATAGAAAATATAT
TACAGAATATATTAAATATTGAGAACATATAATACAGAAAATATATAACT
CAGTAATATATTAAATACTTATTAAATAGCAAGCTTATAGGAAGAGTGATGGAGCAT

544

GCAGTTAGCTTAGGCCGTAAATATGATTCTGGACTGAGATTCAAAAATACCACAGGCC
TCTGAAAGGTTACCCCTTCTAGCTCCACTATCATCTAATTTTATTAAAAAAAAAAAAA
AGGAAAAATTGAGCTCTAGAGAGTAGGGGCTACCATTGATCCCACAGGGCCAAGG
AACAGTTAACATTGATTCTAACATTAAATTCACTGAGT
AAATATTGTAACATTATATTTCTATATACTTTTATTATAGAAAATATATATTACA

[G, T]

AATATATTAAATATTGAGAACATATAATACAGAAAATATATAACTCAGTA
ATATATTAAATACTTATTAAATAGCAAGCTTATATAGGAAGAGTGATGGAGCATGTA
GAAAGTTTCAGCTTATTCTTGACATTACTTGTGTTCTGCACAAACAAAAGAATTACA
GGAATTGTCAGATTCAAAATACTCGAAGTTGAGGAGGGAAATATAAGTCATGATGT
AGAAACTCTTTAAGATTGAGCTAGCCTACAATCTGAAAGATCTGTGAAATTGAACTA

598

AGGCCTCTGAAAGGTTACCCCTTCTAGCTCCACTATCATCTAATTTTATTAAAAAAAA
AAAAAGGAGAGGAAATTGAGCTCTAGAGAGTAGGGGCTACCATTGATCCCACAGGG
CCAAGGAACAAGTTAACATTGATTCTAACATTAAATTCACTGAGT
ATGAGTATTGAAATATA

TAATAGAAATATTGTAACATTATATTTCTATATACTTTTATTATATAGAAAATATAT
ATTACAGAATATATTAAATATTGTAGAACATATAATACAGAAAATATATAATA
[C, T]

TCAGTAATATATTAAATACTTATTAAGCAAGCTTATATAGGAAGAGTGATGGAGCA
TTGTGAGAAAGTTTCAGCTTATTTCTTGACATTACTTGTCTGCACAAACAAAAGA
ATTACAGGAATTGTCCAGATTATTCAAATAACTCGAAGTTGAGGAGGAAATATAAGTCAA
TGATGTAGAAACTCTTTAAGATTGAGCTAGCCTACAATCTGAAAGATCTGTGAAATT
GAACTATATTGTGCTATTCCATATTAAGTCAGGCAACAAATCAATATTAATAATAAT

1621

CGGCTTAAGCTCCACAGGCATACAAAGTGAAGCAGAAAAGTGAAGGCCACGTGTCCTCCAT
TATCTGGTATCTCATGTGGGGCTTAGAGGTAATTGTGTTATTGGCCTCCATTCTGC
CTTAAACCACCTGGTAAACAAAGGTTACTGTGCCAAAGTTGACAGCAACCCAAATCCCT
TTGGCATGTGAATTAGTTCTGCCATACTGCTAGTCCAATTCTCTGGTTTCAAG
GATTTAGGAGTCAGGGTGCCTCATCTCTCAAATGAGTTACAGTCACGCACATCCCTAC
[A, G]
CACTGCATGGTGGCACTAGTCCTGATATATGTTACTCGTTGATCCTCATGAAGGA
TCAAATGGGAAGGGAGATACTATTGTCTGTGATTGCCATTAAGATCTTGAGTATGTT
TACTCCCTGTTGACACACTGGTTGAAAATGTTGCTAAGTCTCCAACAATGACAGA
TACTCAGTGGAAACATGAAGGATTCCGTCAAACTGGTTATTGTCATCATGTAGACCACT
ATTCCCAACCTGCAAGTGCATCATGGCCTTGGTGTGTCAGGGACACGCCCTGGGTGTG

2330

AAAAGTTCAAGTTCTCATCAATAAGGAGTCCTTGTGAGCAGGTGAAGCTCATCTAAC
TAGGTAAGATGAAGATCTATCATAACCAGGAGGCAGGTTGGAGGTGCCAGTTGCACTGG
CAGTCAGGTGCAAGAGCTCTGCAGTGGCTGAGTGTCCATCCTAGATCTCTCACC
TCTGGCTCTGTGACCTTGAGCAGGTCTAAATCTCTCAAGCCTTGTGTTTTAAATTG
ATAAAATGAGGATAATAATAGTACCAAAATTAGGGAGATTTCAGAGCTAAATAACATA
[C, T]
GTGAACATTAGAGTAATGCCGCCATAAGGGGACTCAGTAGCTTATTATTAGTTCAT
ACAATTGAAAAGTTCTAAATATTGAGATATAAGATGATCTCAACCGATAGCTAA
TGTATGCAAAGCTATTAGCTCAGAAGTAAACTCTGCATTCTAGAAGTTAAATATTAC
TTTGTATAGTGAATTATCTGTAATATTATCTCTGCTCACTTTATAAGAAAAATAGT
GAAAGCATTATAAGAACTTACACTGCACTAAATGTTATATGACTTAATCCTCACTA

2498

AGATCTCACCTTGGCTGTGACCTTGAGCAGGTCTAAATCTCTAAGCCTTG
TTTTTTAAATTGATAAAATGAGGATAATAATAGTACCAAAATTAGGGAGATTTCAGAGC
TTAAATAACATACGTGAACTATTAGAGTAATGCCGCCATAAGGGGACTCAGTAGCTTA
TTATTAGTTCTACAAATTGAAAAGTTCTAAATATTGAGATATAAGATGATCTCA
ACCGATAGCTAATGTATGCAAAGCTATTAGCTCAGAAGTAAACTCTGCATTCTAGA
[A, G]
GTTAAATATTACTTTGTTAGTGAATTATCTGTAATATTATCTCTGCTCACTTTAT
AAGAAAAATAGTGAAGCATTATTAAAGAACTTACACTGCACTAAATGTTATATGACT
TAATCCTCACTATAACCTATGAGATAGGTTACATTATGCTCTAAATTACTAACAGG
AAACCAAGAGACAAAGCTACTAAACACTTGCTGAGGTTAGACATCTCTGTGGTG
AGGCTGGATTCAAATTAGACCATTGACTGTAGCACTTATGATGAGCATGCTGTTT

FIG. 3-14

2791 TTCTAGAAGTAAATATTACTTTGTTAGTGAATTATCTGTAAATTTATCTCTTGCTC
ACTTTTATAAGAAAAATAGTGAAGCATTATTAAGAACTTACACTGCACAAATGTTAT
ATATGACTTAATCCTCACTATAACCCATGAGATAGGTTACATTATTGTCTTAATTTAC
TAACAAGGAAACCAAGAGACAAAGCTACTAAAACACTTGCCTGAGGTTAGACATCTTCTT
CTGTGGTGAGGCTGGATTCAAATTAGACCATTGACTGTAGCACTTATATGATGAGCA
[T,C]
GCTGTTAGTGTATAGTGTGGCTACCTTGAATAGACATACTTAAACCATGGCAA
GGAAGTGAAGACTGCACATTGAAATATGAAAATTGCTTGGGTGCCACGTGAGAAATA
GTCACATCACTAGAAACTAACATCATAAGCTTTGTGTTGGTTAAAGTTTATTGATCCAT
TTTCTTGTACTTGTGGGAACTGGCTTAACTAGGGGATACCTCCACTTTTACTT
GGCCATGGTATGAAAACCTGTCTGAATCTTAGATATTGGCAAATTGAGGCAA

2877 ATTTATAAGAACTTACACTGCACAAATGTTATATGACTTAATCCTCACTATAACCC
TATGAGATAGGTTACATTATTGCTTAATTTACTAACAGGAAACCAAGAGACAAAGCT
ACTAAAACACTTGCCTGAGGTTAGACATCTCTGTGGTGAGGCTGGATTCAAATT
AGACCATTGACTGTAGCACTTATATGATGAGCATGCTGTTAGTGTATAGTGTGGTC
TACCTTGAATAGACATACTTAAACCATGGCAAGGAAGTGAAGACTGCACATTGAAATA
[T,C]
GTAAAATTGCTTGGGTGCCACGTGAGAAATAGTCACATCACTAGAAACTAACATCAA
GCTTTGTGTTGGTTAAAGTTTATTGATCCATTTCCTGTTACTTGTGGGAACT
GGGCTTAACTAGGGGATACCTCCACTTTACTTGGCCATGGTATGAAAACCTGTCTCT
GAATCTTAGATATTGGCAAATTGAGGCAAACAAAGACTTAAAGCAATTCAACCTTG
ATTAAAATAAGACAAAAATGCCTCCATCTGATTAAATTATTCAATTAGGAAC

2879 TTATTAAAGAACTTACACTGCACAAATGTTATATGACTTAATCCTCACTATAACCC
TGAGATAGGTTACATTATTGCTTAATTTACTAACAGGAAACCAAGAGACAAAGCTAC
TAAAACACTTGCCTGAGGTTAGACATCTCTGTGGTGAGGCTGGATTCAAATTAG
ACCATTGACTGTAGCACTTATATGATGAGCATGCTGTTAGTGTATAGTGTGGCTA
CTTTGAATAGACATACTTAAACCATGGCAAGGAAGTGAAGACTGCACATTGAAATATG
[T,C]
AAAATTGCTTGGGTGCCACGTGAGAAATAGTCACATCACTAGAAACTAACATCAAAGC
TTTGTGTTGGTTAAAGTTTATTGATCCATTTCCTGTTACTTGTGGGAACTGG
GCTTAACTAGGGGATACCTCCACTTTACTTGGCCATGGTATGAAAACCTGTCTCTGA
ATCTTAGATATTGGCAAATTGAGGCAAACAAAGACTTAAAGCAATTCAACCTTGAT
TAAAATAAGACACAAAAATGCCTCCATCTGATTAAATTATTCAATTAGGAAC

2912 TATGACTTAATCCTCACTATAACCCATGAGATAGGTTACATTATTGCTTAATTTACT
AACAGGAAACCAAGAGACAAAGCTACTAAAACACTTGCCTGAGGTTAGACATCTCTC
TGTGGTGAGGCTGGATTCAAATTAGACCATTGACTGTAGCACTTATATGATGAGCAT
GCTGTTAGTGTATAGTGTGGCTACCTTGAATAGACATACTTAAACCATGGCAA
GGAAGTGAAGACTGCACATTGAAATATGAAAATTGCTTGGGTGCCACGTGAGAAATA
[A,G]
TCACATCACTAGAAACTAACATCATAAGCTTTGTGTTGGTTAAAGTTTATTGATCCATT
TTCTTGTACTTGTGGGAACTGGCTTAACTAGGGGATACCTCCACTTTACTTGT
GCCATGGTATGAAAACCTGTCTGAATCTTAGATATTGGCAAATTGAGGCAAAC

FIG. 3-15

AAAGACTTAAAGCAATTCAACCTTGATTAAAATAAGACCAAAATGCCTCCATACTTGAT
TAAATTATTCATTTAGGAACGGATTATAATCAAGACAACCTCTACATGAAAAAATA

3076 CTTATATGATGAGCATGCTGTTAGTGTATAGTGTGGCTACCTTGAAATAGACATAC
TTTAAACCATGGCAAGGAAGTGGACTGCACATTGAAATATGAAAATTGGCTTGGG
TGCCACGTGAGAAATAGTCACATCACTAGAAACTAACATCAGCTTTGTGTTGGTAA
AGTTTATTGATCCATTTCTGTTACTTGCGGAACTGGCTTAACTAGGGGATA
CCTCCACTTTACTGGCATGGTATGAAAACCTGCTCTGAATCTTAGATTTG
[G, T]
CAAATTGAGGCAAACAAAGACTTAAAGCAATTCAACCTGATTAAAATAAGACCAAAA
TGCCTCCATACTTGATTAATTATTCATTTAGGAACGGATTATAATCAAGACAAC
TCTACATGAAAAAATAGATTAATAGTGCTCCAAGTTAGTTCACTGTATTATTCCTTT
ATACATTATCTGCCTCGGTGTATTCAAGTTCAATTATCAATAATTCACTAAT
CATTTATTCTTAATCAACATTGATAGTTAAATTAAATCTGTGAATATTAAATGTTT

3745 TGGTGGATTCTTGATTGGAAAATGAAGTGAATCCTGAGGTGTGGATGAATACTGTAAG
TCATGGAAAATGTGAAGAACATCAAATAAGCAGGACTAATGGAGTATGAGGTTACGAA
AGGTCTGTTGTAACAGAAAATCTCTGATAAAACAGATAAAATGTAGATGGTTAAACC
TCTGCAAGAGTCAGCTAGTTAGATCTTGCTGAAAAACAAACTGTCCGGTAATGAA
AACCAAATTGTGCTATTGTGCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTAT
[C, G]
TATCTATCTATCTATTATCTATCTATCTATAGATAGAACCTCCTTTGAATTATGT
TTAAGAATATCAAGCTATTGTGATATACATGATTGCCCTTATTGATCTATAGTTCT
ATTACTTTAAAGCAAGAGGGGCTCAAAAGACAATTGACTTGATAATATAGCTTGCA
GAAAGAATGGGTCATGCTAAATTCCCCAACCCCCAAAATTAGCCAATAGTAGA
TATTTTTAAATTCTACTTATTGTATTAAGACTTTATTATTAATTACAGTTACC

3752 TTCCCTGATTGGAAAATGAAGTGAATCCTGAGGTGTGGATGAATACTGTAAGTCATGGA
AAACTGTGAAGAACATCAAATAAGCAGGACTAATGGAGTATGAGGTTACGAAAGGTCT
GTTGTAACAGAAAATCTCTGATAAAACAGATAAAATGTAGATGGTTAAACCTCTGCAA
GAGTCAGCTAGTTAGATCTTGCTGAAAAACAAACTGTCCGGTAATGAAAACAAA
TTGTGCTATTGTGCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTA
[T, -]
CTATCTATTATCTATCTATCTATAGATAGAACCTCCTTTGAATTATGTGTTAAGA
ATATCAAGCTATTGTGATATACATGATTGCCCTTATTGATCTATAGTTCTATTACTT
TTAAAGCAAGAGGGGCTCAAAAGACAATTGACTTGATAATATAGCTTGCAAGAAGAA
TGGGTCAATGCTAAATTCCCCAACCCCCAAAATTAGCCAATAGTAGATTTTT
TAAAATTCTACTTATTGTATTAAGACTTTATTATTAATTACAGTTACCTGGTGT

3762 TGGAAAATGAAGTGAATCCTGAGGTGTGGATGAATACTGTAAGTCATGGAAAATGTGAA
GAACATCAAATAAGCAGGACTAATGGAGTATGAGGTTACGAAAGGTCTGTTGAACAG
AAAATCTCTGATAAAACAGATAAAATGTAGATGGTTAAACCTCTGCAAGAGTCAGCT
AGTTAGATCTTGCTGAAAAACAAACTGTCCGGTAATGAAAACAAATTGTGCTATT
GTGCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATT
[-, C, T]

FIG. 3-16

ATCTATCTATCTATAGATAGAACCTCCTTTGAATTATGTTTAAGAATATCAAGCT
ATTTGTTGATATACATGATTGCCCTCTATTGATCTATAGTTCTATTACTTTAAAGCAAG
AGGGGTCTCAAAAGACAATTGACTTGATAATATAGCTTGTAGAAAGAATGGGTCATG
CTAAATTTCCCCAACCCCCAAAATATTAGCCAATAGTAGATATTTTAAAATTCTA
CTTATTTGATTAAGACTTATTATTAAATTACAGTTACCTGGTGTACAAATTCA

3833 AAAGCAGGACTAATGGAGTATGAGGTTACGAAAGGTCTGTTGTAACAGAAAATCTCTGA
TAAAACAGATAAAATGTAGATGGTTTAACCTCTGCAAGAGTCAGCTAGTTAGATCTT
TGTCTAAAAACAAATACTGTCCGGAATGAAAACCAAATTGTGCTATTGTGCTATCTAT
CTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTAT
CTATAGATAGAACCTCCTTTGAATTATGTTAAGAATATCAAGCTATTGTTGAT
[A,G]
TACATGATTGCCCTCTATTGATCTATAGTTCTATTACTTTAAAGCAAGAGGGTCTCAA
AAGACAATTGACTTGATAATATAGCTTGTAGAAAGAATGGGCAATGCTAAATTCC
CCCACCCCCAAAATATTAGCCAATAGTAGATATTAAATTCTACTTATTGTA
TTAAGACTTATTATTAAATTACAGTTACCTGGTGTACAAATTCAAGATAATTACC
CTAATAAGCACACAACAGATGGTTGTTGATTCTTTATATCCTTGGAGAAGTTC

4399 GTTTGATTCTTTTATATCCTTGGAGAAGTCCACTAACGACTGTATTACTGGG
CAGAGTGAATCATCATCTACAATGGCTACCCAGTGAAGAGTATGAAGTCACCACTGAA
GATGGGTATATACTCCTGTCAACAGAATTCTTATGGCGAACACATGCTAGGAGCACA
GGTACAAGATATGTCCTCTGAAAAGGGACTGCATTGACCTCTGCTTCAGGAGGA
ATTAAATGCTAGATATGCATCAACAGAGTTATCAAATTGGTTGAATTATTGGATTAG
[T,C]
CTTTAAATAGTTATCAGGGAGGCTCACTCTTGCTGATAATTCTCTGAAGACAGACAGG
AACCTAAAAATACAAACAGCAAGACTGATCTGCTAACTGCAACCAGAGGTACTTGTAG
GGTGTAAACAGAAGGAGCAGGCTGCATTGTCACCTCATTACTGATTATCATGTGGA
AAATTGCTTGTCCCAGGAAAATGGATCCTCTATTGTCAGAAGGAGATTCTAGGTTG
TATGAAATTGACTCTGGGGCACCAAGAAGAACCTCCTGCTCCACTAAAATTAAAGGG

4945 AATTGACTCTGGGGCACCAAGAAGAACCTCCTGCTCCACTAAAATTAAAGGGCCTC
CCTCTGAGGATAAAAAACAAATCTAGTTAAATGACAACGCTTCTGAAAAGTTCCAG
GACTGAAAACCTTAACATCCACATACACTTGTATCTAAGGGACAGACGGTTCATAGAATG
AAAGAGTATGGTGTCAATAAGGCTTGAATTCTAGAATGAGGAGCCAGCCATGCCATAGCA
GGGAATGATACTCCTAAAAGGGAAAATTAACTACAAATCTCTGAAGTAGAAATGAT
[A,G]
AGAATAACCAAAATCTGCAATGGTCAATAGCAAATAATTATTGGCAGCTGCTTAC
GTGTTCATTTGCATCTTCCCACACATATTAGGAGCAGCTGAAGTCATGTT
GACATTCTCTCCCTTTATCTCAGTTGAGAATGAAAATGAGAGTGAGATATGAGT
AGTTTACTAGTTAAATATGAAACACCCAGTTAAATTGAAGGTCAGATAACAAACAAA
TAATTGTATAAGTCTCATTTAAGATAACTAAAAAGTCATTATTACTATT

5056 GTTTCCAGGACTGAAAACCTTAACATCCACATACACTTGTATCTAAGGGACAGACGGTT
CATAGAATGAAAGAGTATGGTGTCAATAAGGCTTGAATTCTAGAATGAGGAGCCAGCCAT
GCCATAGCAGGGAAATGATACTCCTAAAAGGGAAAATTAACTACAAATCTCTGAAGT

5280

AGAAATGATAAGAATAACCAAAATCTGCAATGGTCAATAGCAAATAATTATTGGCA
GCTGCTTACCGTGTTCATTTGCATCTTTCCCACACATATTAGGAGCAGCTGA
[A, G]
GTCATGTTGACATTCTCCCTCTTATCTCCAGTTTCAAATGAAAAATGAGAGTGA
GATATGAGTAGTTTACTAGTAAAATATGAAACACCCAGTTAAATTTGAAGGTAGATA
AACAAACAATAATTGTATAAGTCTCATTTAAGATAATACTAAAAAGTCATTATTAT
TCACTATTACTATTATAAAATTGTAGAGCATCCTGGATCTTTGCTTACTTT
GTTTTATTGGCTAAATCTGGCAATCCCAGGCACATGTGTGAAGGAGCTGTGAAATA
AAATAATTATTGGCAGCTGCTTACCGTGTTCATTTGCATCTTTCCCACACAT
ATTAGGAGCAGCTGAAGTCATGTTGACATTCTCCCTCTTATCTCCAGTTTCAA
ATGAAAAATGAGAGTGAGATATGAGTAGTTTACTAGTAAAATATGAAACACCCAGTTA
AATTGTAGGTCAGATAAACAAACAATAATTGTATAAGTCTCATTTAAGATAATACT
AAAAAGTCATTATTACTATTACTATTATAAAATTGTAGAGCATCCTGG
[T, A]
CTTTGCTTACTTTGTTTATTTGCTAAATCTGGCAATCCCAGGCACATGTGTG
AAGGAGCTGTGAAATATAAAAGGAGAAAACCTTATGGAAAGATTGGCTTAAGGAGAG
ATAATTGGAAAGATTAGAATTAAAGATCATTAGATGTAATGTTCTAAATACTT
TATATCAGTAAACTCTCATCAACAATAGAGATGGTACCAATAAGTCACCATT
ACAAATGATGAAATTAGGCACAACCGTTATGTTAAGAGGCCTAAAGTCCACAAATAGC

5790

TGAGATGGTACCAACTAATAGTCACCAATTACAAATGATGAAATTAGGCACAACCGGT
TATGTTAAGAGGCCTAAAGTCCACAAATAGCAAGCTGACAGACCGAGATTAGCCCAGG
CATGCTGGCTCCAGAGCCTGTGCTCTAGTCATTAAATTATAGTCCTACTTGACCTTC
CACCTGGTTACTTGGATCTCCCTGAATGCTCTCCCTCAGAAATACTGGAAGTTG
GCAGAGGGACACTGAGCTGAGCATATTATTGTAGTTTAAATGCTCTCCACTGGACAGA
[A, G]
GATGGGGGATTGAAATAGAAATTGGTGAGGAACATACTAGTGTCCATTACACTCACCT
CCTCTCCCTGGAAAGAGCTAGGACTTGAGTAAGCATGATAATTCTGTGTTG
TAAACCACACCCAGGAAATTGTATATAACATAGAGCACAGTAGTTATCAGGACA
GACTTGCACATAAAAGAACTGGTTGAGTCCCTGCTCTGGCCTTCTATCTGGTGGC
CCTCTGGAAAGTTACTTAACATACATAAGTTGTTCCATATCTACAAATGAGGTT

5901

AAGCCCAGGCATGCTGGCTCCAGAGCCTGTGCTCTAGTCATTAAATTATAGTCCTAC
TTGACCTTCCACCCCTGGTTACTTGGATCTCCCTGAATGCTCTCTCCCTCAGAAATAC
TGGAGTTGGCAGAGGGACACTGAGCTGAGCATATTATTGTAGTTTAAATGCTCTCCA
CTGGACAGAAGATGGGGATTGAAATAGAAATTGGTGAGGAACATACTAGTGTCCATT
ACACTCACCTCCTCTCCCTGGAAAGAGCTAGGACTTGAGTAAGCATGATAAAATT
[C, T]
GTGTCTTGAAACACACCCAGGAAATTGTATATAACATAGAGCACAGTAGTT
ATCAGGACAGACTTGACATAAAAGAACTGGTTGAGTCCCTGCTCTGGCCTTCTAT
CTGGTGGCCTCTGGAAAGTTACTTAACATACATAAGTTGTTCCATATCTACAAA
ATGAGGTTCTCAAAATAGCAGCTAGTTATAGAGTTGTTGCAAGAATTAGTAAGCTAA
TACATATAAAACGTCAACATAGCACCAGGTACAAAATATGTGCTCAAGAAACTGAAGT

6457 CAACATAGCACCAGGTACAAAATATGTGCTAAGAAACTGAAGTTACCTGATTATAATG
CTCTATACTATTGACAAGGGAAAAGTGAAAACAGTTTTGTTTACCATGTGTATGTG
TGTGTGTCTGTGATGTTCCGACATGCTCTTTAACATAAATTACTCTCACTCTTC
TCTCTCTCTTCTCTTCTCCCTCTCATCTTACCCCTCCCCCACCAGTCCCCGGCC
AGTTGTGTATATGCAGCATGCCCTGTTGCAGACAATGCCTACTGGCTTGAGAATTATGC
[C,T]
AATGGAAGCCTGGATTCTCTAGCAGATGCAGGTTATGATGTATGGATGGAAACAGT
CGGGGAAACACTTGGTCAAGAAGACACAAAACACTCTCAGAGACAGATGAGAAATTCTGG
GCCTTAGGTAATATTAGCTAAGAAAACTCAAGGGGAAATTGGAGGCAATTAAAAA
AATAACGTGGACGCTTAATGATTATCTTGACGCTTGAGTCATATAGCTCTTAG
TTCTGTTAAGATCTAAAGGAGGGTAACAGCAAGAAGCTGTGATTTCAGTATTCTC

6632 TTCTCTCTCTCTTCTCTTCTCCCTCTCATCTTACCCCTCCCCCACCAGTCCC
CGGCCAGTTGTATATGCAGCATGCCCTGTTGCAGACAATGCCTACTGGCTTGAGAAT
TATGCAATGGAAGCCTGGATTCTCTAGCAGATGCAGGTTATGATGTATGGATGGGA
AACAGTCGGGAAACACTTGGTCAAGAAGACACAAAACACTCTCAGAGACAGATGAGAAA
TTCTGGCCTTAGGTAATATTAGCTAAGAAAACTCAAGGGGAAATTGGAGGCAATT
[T,A]
AAAAAAATAACGTGGACGCTTAATGATTATCTTGACGCTTGAGTCATATAGCTCCT
TGTAGTTCTGTTAAGATCTCAAAGGAGGGTAACAGCAAGAAGCTCTGATTTCAGTGA
TTCTCCCACAAGCAAAGTATGGCATTCAACAAGATCATTTCACATCCAATTCTGTGAA
TTCTATGCATTAAAAGTATGTCAAAGAGACAGCTCAGGAAATTATCATGACCAATGTG
ACATTCAATTCAAGCCAATGTTACTGAGTGGCTACTGTATGCGCTGTTCTAGGCCCCAAC

6763 AAGCCTGGATTCTCTAGCAGATGCAGGTTATGATGTATGGATGGAAACAGTCGGGG
AAACACTTGGTCAAGAAGACACAAAACACTCTCAGAGACAGATGAGAAATTCTGGCCTT
TAGGTAATATTAGCTAAGAAAACTCAAGGGGAAATTGGAGGCAATTAAAAAAATAA
CGTGGACGCTTAAATGATTATCTTGACGCTTGAGTCATATAGCTCCTGTAGTTCT
GTTAAGATCTCAAAGGAGGGTAACAGCAAGAAGCTGTGATTTCAGTGTGATTCTCCACA
[A,G]
GCAAAGTATGGCATTCAACAAGATCATTTCACATCCAATTCTGTGAATTCTATGCATT
AAAAGTATGTCAAAGAGACAGCTCAGGAAATTATCATGACCAATGTGCACATTCAATTCA
GCCAATGTTACTGAGTGGCTACTGTATGCGCTGTTCTAGGCCCCAACATTCAAACAGG
GAACAGACAAACTCTGACCTCACAAAGCTTATGTTCAATTAGTGATAATTACAAGTC
ATTGCTCCTGGATTGCAACTGTGAAAGATGATTGGACCAGGACCTTATTGATT

6955 TAATGATTATCTTGACGCTTGAGTCATATAGCTCCTGTAGTTCTGTTAAGATCTCA
AAGGAGGGTAACAGCAAGAAGCTGTGATTTCAGTATTCTCCCACAAGCAAAGTATGG
CATTTCAACAAGATCATTTCACATCCAATTCTGTGAATTCTATGCATTAAAGATATGTC
CAAAGAGACAGCTCAGGAAATTATCATGACCAATGTGCACATTCAAGCCAATGTTA
CTGAGTGGCTACTGTATGCGCTGTTCTAGGCCCCAACATTCAAACAGGGAACAGACAAA
[-,T,C]
TCTGACCTCACAAAGCTTATGTTCAATTAGTGATAATTACAAGTCATTGCTCCTGGA
TTGCAATCAACTGTGAAAGATGATTGGACCAGGACCTTATTGATTAGAGAAACTGT
GATTGATTAGAGAAACTGAGATCGCACATAGTACCATTTCAAGAAAACCTCAATATTA

FIG. 3-19

GATTTTAAACCTGTTAATGGCAATGAAGAAGAACCTTTGATATCTGTTCTT
TTAATGGAAGAGTTCTGCTGTACCAGAGCACGGCTGATGCCCTGCAGACTTTCTT

7017 GGAGGGTAACAGCAAGAAGCTCTGATTTCACTGATTCTCCACAAGCAAAGTATGGCA
TTCAACAAGATCATTACATCCAATTCTGTGAATTCTATGCATTAAAAGTATGTCCA
AAGAGACAGCTCAGGAATTATCATGACCAATGTGCACATTCAACAGGAACTGTTACT
GAGTGGCTACTGTATGCGCTGTTAGGCCCGAACATTCAAACAGGAAACAGACAAACT
CTGACCTACAAAGCTTATGTTCACTTAGTGTATACTTACAAGTCATTGCCCTGGAT
[T,G]
GCCAATCAACTGTAAAGATGATGGACCAAGAACCTTATTGATTTAGAGAAACTGTGA
TTGATTTAGAGAAACTGAGATCGCACATAGTACCATTTCAAGAAAACCTCAATATTAGA
TTTTAAACCTGTTAATGGCAATGAAGAAGAACCTTTGATATCTGTTCTT
AATGGAAGAGTTCTGCTGTACCAGAGCACGGCTGATGCCCTGCAGACTTTCTT
TCTCAGGCCCTAAGCTCCCTGTTGGTTGTAAACCTGATGCTAGAACAGACTGTGTATTCTT

7151 GAAATTATCATGACCAATGTGCACATTCACTGTTACTGAGTGGCTACTGTA
TGCGCTGTTCTAGGCCCGAACATTCAAACAGGAAACAGACAAACTCTGACCTCACAAAG
CTTATGTTCACTTACTGATAATTACAAGTCATTGCTCTGGATTGCCAATCAACTGT
GTAAAGATGATGGACCAAGAACCTTATTGATTTAGAGAAACTGTGATTGATTTAGAGAA
ACTGAGATCGCACATAGTACCATTTCAAGAAAACCTCAATATTAGATTAAACCTT
[G,T]
TTAATGGCAATGAAGAAGAACCTTTGATATCTGTTCTTAAATGGAAGAGTTT
CTGCTGTACCAGAGCACGGCTGATGCCCTGCAGACTTTCTTCTCAGGCCCTAAG
CTCCCTGTTGGTTGTAAACCTGATGCTAGAACAGACTGTGTATTCTTATTACATTAAATA
AAACATTCACTGAAAGTTGAGAATAGTGGAGGAATAGAACATGTTATAG
TCTGAGTTCTGGGCAGGGCAAGCATCAGGAAATTGAATCATTAGTCTTAGGAGGT

7308 CTCCGGATTGCCAATCAACTGTAAAGATGATGGACCAAGAACCTTATTGATTTAGA
GAAACTGTGATTGATTTAGAGAAACTGAGATCGCACATAGTACCATTTCAAGAAAACCTC
CAATATTAGATTAAACCTGTTAATGGCAATGAAGAAGAACCTTTGATATCT
TGTTCTTAAATGGAAGAGTTCTGCTGTACCAGAGCACGGCTGATGCCCTGCAGA
GACTTTCTTCTCAGGCCCTAAGCTCCCTGTTGGTTGTAAACCTGATGCTAGAACAGA
[C,G]
TGTGTATTCTTATTACATTAAATAAAACATTCACTGAAAGTTGAGAACAGTGG
AGGAATAGAACATGTTATAGTCTGAGTTCTGGGCAGGGCAAGCATCAGGAAATAT
TGAATCATTAGTCTTCTGAGGTGTACAACAAATTCTCTTGTAACTCCAACTCT
ATAGATTCTCACATGTTCTTAAATAAAACAGGCTCTAGCTTATGGAACACCTGATT
GACTAAATGTTATAGGCCCTTGTCTGCTGAAGAACAAAATACTAGTACTA

7321 AATCAACTGTAAAGATGATGGACCAAGAACCTTATTGATTTAGAGAAACTGTGATTG
ATTAGAGAAACTGAGATCGCACATAGTACCATTTCAAGAAAACCTCAATATTAGATT
TTAAACCTGTTAATGGCAATGAAGAAGAACCTTTGATATCTGTTCTTAAAT
GGAAGAGTTCTGCTGTACCAGAGCACGGCTGATGCCCTGCAGACTTTCTTCT
TCAGGCCCTAAGCTCCCTGTTGGTTGTAAACCTGATGCTAGAACAGACTGTGATTCTA
[T,C]

FIG. 3-20

TACATTAATAAAAACATTCACTACCCACTGAAAGTTGAGAATAGTGGAGGAATAGAACATAG
AATGTTATAGTCTGAGTTCTGGCAGGGCAAGCATCAGGAAATATTGAATCATTAGTC
TTAGGAGGTGTCACAACAATTCTCCTATTCTGTAAGTCCAATCTATAGATTCCTCA
CATGTTCTTTAATAAACAGGCTCTAGCTATGGAATACCTGATTGACTAAATGTAT
ATAGGCCCTTTGTTCCCTGCTGAAGAACAAAATACTAGTACTATGGAATATTGGTA

7542 GCGATAGACTTTCTTCAGGCCAAGCTCCGTGGTTGAAACCTGATGCTAG
AACAGACTGTGTATTCTTACATTAATAAACATTCACTACCCACTGAAAGTTGAGA
ATAGTGGAGGAATAGAATAGAATGTTAGTCTGAGTTCTGGCAGGGCAAGCATCAG
GAAATATTGAATCATTAGTCTTAGGAGGTGTCACAACAATTCTCCTATTCTGTAAGTC
CCAATCTATAGATTCCTCACATGTTCTTTAATAAACAGGCTCTAGCTATGGAATAC
[C, T]
TGATTGACTAAATGTTATAGGCCCTTTGTTCCCTGCTGAAGAACAAAATACTA
GTACTATGAAATATTGGTATATATTAAATATATCTATATATCCATGTGGACAGGAATA
CTACTACTAACACATCTTACTGAGCACCCACTGGCAGCCAGAGTCGTTCTTCACT
ATTAACCCCGTTAGCAGCCCCGAAACCAAGGTACTACCTGTTATTCCCAAATGAGA
AAACATAGGCTCAGAGCATTCAAGAGTTGCAAAGGCCATAATAGTAG

8597 ATAAAAACTGGTCAGGAGAAATTGTTATTCATTGGACATTCACTTGGCACTACAATAGGT
TGTTTATGAGGGTCACTGTTAGGTGTGTTTGAGGGTCAGTTCTCAGAGTCCTACAG
GAGTTCACCTTATGTTGAAATAAACAACTGTTACTTATAGTGCCTCAATTCCCTGTC
CTCTGCTGGAATAACCCCTAGTACTCTAAAGTAGCTGTGAGCCTGCAGTCACAGACTATA
TGTAGGGCAAACCTTCCTGGGCTCTGGTCACAGCAGCATATTGACTACGGTATGCAA
[T, C]
TTCCCAGGAATAACATGTTCCAAATTCAAAGAAATAATTCCACAGAGTAAGTTCTAG
ATTCCCTGAGCTGAAAAAGTAAATTCAATGCCATGGAATATGGCTGAAACATAATAA
ATGTGCATCAATCATCTTCTCACACCCAAATGGGATTTAAAAAATAAAAGGGAA
GGGCTTACCTATAATTAAACAAATTGAAAAGGCATGGTTATTGTTGTGAGTTGG
AACACACAAGCTTACTATAATAATCAATTGAGCTATCTATTCAAGTGTGATTAGTA

8803 TAAGTAGCTGTGAGCCTGCAGTGCACAGACTATATGTTAGGGCAAACCTTCCTGGGCTC
TGGTCACAGCAGCATATTGACTACGGTGTGCAATTCCAGGAATAACATGTGTTCCAA
ATTCAAAGAAATAATTCCACAGAGTAAGTTCTAGATTCCCTGAGCTGAAAAAGTAAA
ATTCAATGCCATGGAATATGGCTGAAACATAATAATGTGCATCAATCATCTTCTCA
CAACCCAAATGGGATTTAAAAAATAAAAGGGAAAGGGCTTACCTATAATTAAACAAA
[C, T]
TGAAAAGGCATGGTTATTGTTGTGAGTTGGAACACACAAGCTTACTATAATAATAC
AATTGAGCTTATCTATTCAAGTGTGATTAGTATTGAAATAGCAAGTAAATGTAAG
CACTATGTAGAAATTCTAAAGTTTAAAGCTGACAACCTACTTCTTAATTACTTACT
TTACTTAATTACTTACAATTCTTCCAGGTATTGGAAGAACATCAATAATCTAG
TTCCAAGTAAAGTTGAAAGGAACCCACACTAATAAAAGCTTGAATTGTCATTGAAC

9016 AAATGTGCATCAATCATCTTCTCACACCCAAATGGGATTTAAAAAATAAAAGGG
AAGGGCTTACCTATAATTAAACAAATTGAAAAGGCATGGTTATTGTTGTGAGTT
GGAACACACAAGCTTACTATAATAATCAATTGAGCTTATCTATTCAAGTGTGATTAG

9967

TATTTATGAAATAGCAAGTAAATGTAAGCACTATGTAGAAATTCTAAAGTTTTAAGC
TGACAACCTACTTCTTAATTACTTACTTACTTAATTACTTACAATTACTTCCAG
[G,A]
TATTTGAAAGAAATCAATAATCTAGTCCAAGTAAAAGTTGAAAGGAACCCACACTAA
TAAAAGCTTGAATTTCATTGAACCTCCACTAAAGTTCCAATTAAAGAGAATAAT
CATGTGAAAGTGCAATATTCAGTTAGGAAATATTTCATTATCACCACATCATCG
TAACAAACATATATTCTTAGTATTAGATTGACAGGCACTTCCAAGCTCAGAACAGG
CAGTTAGCATCAGTCAGCATACTAAAAAGTATCAAAGAACTCATAGGAGATCAAAAA
GTTCATTAGGACATAAATTTTGTAGTGAATGGTTGCAATTGGACAGAGCAATT
TCTGTTATGTAAGGAGCACCCACTCTTGTAGGACATTAGTAGGTCCCAGCCATTAAA
CAGGGCTCTGCAGTCAGCGTACCCCTCAAAATCTCACCTCACACATTCCAACACCC
TCTGGGAAGTACTATTCTGATTCAAGAGCTTTATCAATTGTTAGTCAATTATTC
AGTTCTTCTTTCTGCCAAGACAGTTAATGTTCAACAAGTGTTCAGTACACACA
[T,C]
ACACACACACACACACACACACACACACACACACACACATGCTAGTGGAGGCCAGGAAGGG
ACCTCTGAAACCAATTATGGATATTCTCCCTAGCCTACCCAGTGTGCTAATCT
CCATCCTCACAGATATACAAAGGGGTGCAATGCTACTGCTGAAAGAGCAAAGCAAATGGA
GATGCCCTGGCTTACTGGCCATCGTGGATGCTAGGGAAAGCCCTTCTTTGAAA
CAGGAAGAGTCTAGAGGGTTGAAAAACACCCAGTAAGACACTGGAGCAGTGAATTTC

10008

CATTTGGACAGAGCAATTCTGTTATGTAAGGAGCACCCACTCTTGTAGGACATTAG
TAGGTCCCAGCCATTAAACAGGGCTCTGCAGTCAGCGTACCCCTCAAAATCTCACCTC
CACACATTCCAACACCCCTCTGGGAAGTACTATTCTGATTCAAGTCTTTATCAA
TTGTTCACTGAAATTTCAGTTCTCTTTCTGCCAAGACAGTTAATGTTCAAC
AAGTGTTCAGTACACACATAACACACACACACACACACACACACACACACATGC
[C,T]
AGTGGAGGCCAGGAAGGGACCTCTGAAACCAAATTATGGATATTCTCCCTAGCCTA
CCCAGTGTGCTAATCTCCATCCTCACAGATATACAAAGGGGTGCAATGCTACTGCTG
AAAGAGCAAAGCAAATGGAGATGCCTGGCTTACTGGCCATCGTGGATGCTAGGGAAA
GCCCTTCTTTGGAAACAGGGAAAGAGTCTAGAGGGTTGAAAAACACCCAGTAAGACA
CTGGGAGCAGTGAATTCCATAGTGAGAAAGAAAACCTGTTAGAATAACTGGTG

10363

AGCCTACCCAGTGTGCTAATCTCCATCCTCACAGATATACAAAGGGGTGCAATGCTA
CTGCTGAAAGAGCAAAGCAAATGGAGATGCCTGGCTTACTGGCCATCGTGGATGCTA
GGGAAAGCCCTTCTTTGGAAACAGGGAAAGAGTCTAGAGGGTTGAAAAACACCCAGT
AAGACACTGGGAGCAGTGAATTCCATAGTGAGAAAGAAAACCTGTTAGAATAAC
TGGGTGATGCTGCAGAAAGAAATCAATTCACCTCCTGTGACTGATTATTGCTCTGGAA
[G,A]
CTCTGTGATTCTGGCATCTCAGAGTTAGGGATGAAATGAGAATGTTGCCAGCATT
ACCCCATGCTTGGGAAGTTACACAGCAGTAGCTACTCCAGCAGCTAACCATCACCTT
CCCCCTGCCAACTACTCCATTCCCCAATCAAGTCAAACGTCCATAAATAGAATAAAAT
AAAATTGGAGACTTGAGAGCAGAGAAGACTGAAGGGAGATTATCTTATAGAATAACTCA
GAAGACTCCAATTCCATCCCCAGTATGATCACGATAGAAGGAAAAATGACTAAGCAGAG

FIG. 3-22

10684 TCTCAGAGTTAGGGATGAAATGAGAATGTTGCCAGCATTTACCCATGCTGGGAAGTTT
ACACAGCAGTAGCTACTCCAGCAGCTAACCATCACCTTCCCTGCCAACTACTCCATT
TCCCCCAATCAAGTCAAACGTGTCATAAATAGAATAAAAATGGAGACTTGAGAGC
AGAGAAGACTGAAGGCAGATTATCTTATAGAATAACTCAGAAGACTTCCAATTCCATCCC
CAGTATGATCACGATAGAAGGAAAAATGACTAAGCAGAGCCCCAATTTGTTAGAAACA
[T, C]
TGGTAAGTATTATTTACAAGATTGTCTTACCTCTCAGGGTTGTAGCC
TTTCCACCATGCCTGAACGGCACAAAGAACATCAAATGAATTTCGCTTGGGTCTACG
ATCTCATTCAAATATCCACGGCATTTCACAGGTTTCTACTTCAAATTCCATA
ATCAAGGTAGGCTCTTCAACAAATGTACCTGAGGATCTCATTTGGATCATAAATCC
TTATTATTTCAAATCTACTGTAAAGTAAAGTAGGAAATTAGATAAAATCTATAGAAC
11177 TCCTTCAACAAATGTACCTGAGGATCTCATTTGGATCATAAATCTTATTATTTCA
AATCTACTGTAAAGTAAAGTAGGAAATTAGATAAAATCTATAGAACCTAGACTCTGTG
GGTATGTGCTGTGTATGTGTGCCCTCGCTGTGCGCATGTCGTGCCATAGTATCTGCA
GGTCTGTAAACAAATTACTATACAAGGTCACTCAGCAGGCTGAGTATATGTCAGAATT
CTAGCTGAACGTGACTATGACAACAAGGATTTCTGTTTCCAAGTGT
[G, T]
TTCCATTAGTCAGGTAGGTCAATGAATTACATGCCAAATGAAAGACACTCAAGTT
ACCCATAATCACTGATGTGTCCAATTGACATTAGAAAAACCTGATTAATATTCCTT
CCAATATGAAACTTGCCTAATAACTAAAGCTAAGATTCCAAGCCTAAATGTATTACA
GCTCAAGTATTAAATTCAAATATTATTGGTATTTCAGGAGTTGAAAAAGTCATTGG
TTGCCAATTGTGGATTGGATTATCTATTAAAGGGTTTTTTTTCTCTTGC
12345 TTAAAGTCCCATATCCTGCTTTCTCCGTCAAGTTCCCCCAGAAGCTCCAAGACCCC
ACCAGGAATCCCCATCCAAGTTACTTCCCAACTCCTGGAAGTTCAATTGTGCTGCCT
TTGTGACATTATCATATCTTCTGTTCAATGGTTGCTTCTCTGGCTACTGTTCTCT
ACTTTTCAGCCTGAGAGCTGGCTAATCTGGGACAGTACTCGAATGCAGTGTACACATGG
TAACATGAAAACCCGATTTCCTTATATTCAAGGTATTATTGACCTTAAGAAAAAC
[T, C]
GTTTACATTACACCAATTAAATGAGAAAAAAATTGGCAAGCACTGACTGGCAGAA
TACAGGGAAGCTTCACTATGGAGAAGTGAATTGGGATTGAGGGCCTTATTGCAATCTC
CTTGTAAATAATATTGATACTCTCCTCATCTGGAGACACATTCTAAGTAACCTTCC
TGAATAATTGGTCTCCTGACTGAATCAGTAAGTACAAATAGATCCCCAAGCATGGCTC
TTCCCTAGAATGAAAGAAATGTCAAGAAGTCTGAAGATGATTCTGAATTGGTTTTT
12349 AGTCCCATATCCTGCTTTCTCCGTCAAGTTCCCCCAGAAGCTCCAAGACCCCACCA
GGAATCCCCATCCAAGTTACTTCCCAACTCCTGGAAGTTCAATTGTGCTGCCTTGT
GACATTATCATATCTTCTGTTCAATGGTTGCTTCTCTGGCTACTGTTCTACTT
TTCAGCCTGAGAGCTGGCTAATCTGGGACAGTACTCGAATGCAGTGTACACATGGTAAC
ATGGAAAACCCGATTTCCTTATATTCAAGGTATTATTGACCTTAAGAAAAACTGTT
[C, T]
TACATTACACCAATTAAATGAGAAAAAAATTGGCAAGCACTGACTGGCAGAATACA
GGGAAGCTTCACTATGGAGAAGTGAATTGGGATTGAGGGCCTTATTGCAATCTCCTG
TAAATAATATTGATACTCTCCTCATCTGGAGACACATTCTAAGTAACCTTCTGAA

FIG. 3-23

TAATTTGGTCTCCTGACTGAATCAGTAAGTACAAATAGATCCCCAAGCATGGCTTTCT
 CTAGAACGAAAGAAATGTCAAGAAGTCTGAAGATGATTCTGAATTGGTTTTTGCTA

- 13115 TAGAACGAAAGAAACGAAGATAGCTTCTACCAAAATCTGACAACAATAAGATACTCTGGT
 TGATATGTAGCGAATTATGTCCTTATGGGCTGGATCCAACAAGAAAATATGAATCAGG
 TATGTATGATAATTATAGGGCCATTGATACCTTAAGAAATTCCAGCTTCCCTTGACTC
 ATTTGATATATCTATTACTGTATAAATTCTATGGTATTCCAAACCTTAAAGACAGA
 TTTTTTTGCTTTAAAAATGTTATGGGTATATAATAGTTGTACATATTATGAGACA
 [C,T]
 ATATATTTGATATAAGCATAACATGTGAATGACCAAATCAGGGTAATTGGGATATCCA
 TCACCTCAAGCATTATCATTCTTTGTTAGAGACATTCTAATTGACTCTTAGTT
 ATTTGAAATATAACAATGAATTATTGTTAACTATAGTCATCCTATTGTGCATGCCAGACT
 TTAGTCCTCTAACGGTATTGGTACCCATTAAACCAATGCCCTTTATCCTCCCCCAC
 CCCTACTACCTTCCCAGCCTCTGGTAACCACATTCTCACTATCTCTATAAGGTC
 13354 ATTTTTTTGCTTTAAAAATGTTATGGGTATATAATAGTTGTACATATTATGAGAC
 ACATATATTTGATATAAGCATAACATGTGAATGACCAAATCAGGGTAATTGGGATATC
 CATCACCTCAAGCATTATCATTCTTTGTTAGAGACATTCTAATTGACTCTTAG
 TTATTTGAAATATAACAATGAATTATTGTTAACTATAGTCATCCTATTGTGCATGCCAGA
 CTTAGTCCTCTAACGGTATTGGTACCCATTAAACCAATGCCCTTTATCCTCCCC
 [T,A]
 CCCCTACTACCTTCCCAGCCTCTGGTAACCACATTCTCACTATCTCTATAAGGTC
 AGTTTTTTAAACTCCCTATATGAGTGAGAACATGCAGTATTGCTTTGTGCCT
 GGCTTATTCACTTAATGTAATGTTCTCTAATTCCACATTATGCAAATGACATGA
 TTTCATTCTCTTATGGCTGTCTATATGTAACCATTTATTATCCACTCATCTGTGA
 TGGACACTTAGGCTGATTCTATCTGGTATTGTGAATAGTGTACTAACATGGG
 13373 AATGTTATGGGTATATAATAGTTGTACATATTATGAGACACATATATTGATATAAG
 CATAACATGTGAATGACCAAATCAGGGTAATTGGGATATCCATCACCTCAAGCATTAT
 CATTCTTTGTTAGAGACATTCTAATTGACTCTTAGTTATTGAAATATAACAT
 GAATTATTGTTAACTATAGTCATCCTATTGTGCATGCCAGACTTGTCTTCTAACGGT
 ATTGGTACCCATTAAACCAATGCCCTTTATCCTCCCCACCCCTACTACCTTCCA
 [C,G]
 CCTCTGGTAACCACATTCTCACTATCTCTATAAGGTCAGTTTTTTAAACTCCC
 CTATATGAGTGAGAACATGCAGTATTGCTTTGTGCCTGGCTTATTCACTTAATGT
 AATGTTCTCTAATTCCACATTATGCAAATGACATGATTCTATTCTCTTATGGCT
 GTCTATATGTAACCATTTATTATCCACTCATCTGTGTGGACACTTAGGCTGATT
 CATATCTGGTATTGTGAATAGTGTACTAACATGGGGTGCAGATGTCTCTCCA
 14677 AGAGATAGAGATCTAATTCTTCTGCATATGGATATCTAGTTCCCAGCATCATT
 TCTTGTGGAAATTGTCCTTGCCTAATGTATGTTCTGATGCCCTTGTGAAAATTAGTT
 GACTATAATGTGGATTATTGTTGGCTTTATTCTGTTCCATTGGCTATGTGTC
 TGTTTTATGCCAGTATCATGCAGTTGATTATTACAGGTTGTAGTATAATTGAAGT
 CAGGTCATGTGATGCCCTCAGCTTGTCTTTCTCAGAACATCTATATTAGAAAAC
 [C,G]

FIG. 3-24

TAAAGACTCCAACAAAAACCTGCTAGAACTGATAAACAAATTCAAAATTGCAGGAT
ACAACATCAACATACAAAATT CAGCAGCATTCATGCAAGAGCAAATAATCTTAAA
AAAAAGAAGAAAAACAGAAATAATCCCATTATAATAGCTACAAATAAAATAAA
ACACCTAGGAATAAACCATACCAAAGAAGTGAAAGATTCTACAATGAAAACATAAAAC
ACTGATGAAAGAAATTGAAATGACATTAAAAATGGAAAGGTATTCCATGTTCATGGAT

14734 ATTTCTTGTGAAATTGCTTGCCTTGCCTTGCCTTGCCTTGCCTTGTGAAATT
GTTGACTATAAATGTGTGGATTATTGTGGGTTCTTATTCTGTTCCATTGGTCTATGT
GTCGTGTTTATGCCAGTATCATGCAGTTGATTATTACAGGTTGAGTATAATTGAA
AGTCAGGTCTATGTGATGCCCTCAGCTTGTCTTTCTCAGAATCTTATATTAGAAA
AACGTAAAGACTCCAACAAAAACCTGCTAGAACTGATAAACAAATTCAAAATTGCA
[G, A]
GATACAAACATCAACATACAAAATT CAGCAGCATTCATGCAAGAGCAAATAATCTT
AAAAAAAGAAGAAAAACAGAAATAATCCCATTATAATAGCTACAAATAAAAT
AAAACACCTAGGAATAAACCATACCAAAGAAGTGAAAGATTCTACAATGAAAACATAAA
AACACTGATGAAAGAAATTGAAATGACATTAAAAATGGAAAGGTATTCCATGTTCATG
GATTGCAAGAATCAATTGTTAAATGTCCATATGATCCAAAACAATCTACAGATTCAA

14747 ATTGTCTTGCCTTGCCTTGCCTTGCCTTGTGAAATTAGTTGACTATAAAT
GTGTGGATTATTGTGGGTTCTTATTCTGTTCCATTGGTCTATGTGTCGTTTATG
CCAGTATCATGCAGTTGATTATTACAGGTTGAGTATAATTGAAGTCAGGTCTATG
GATGCCTCCAGCTTGTCTTTCTCAGAATCTTATATTAGAAAACGTAAAGACTC
CAACAAAAACCTGCTAGAACTGATAAACAAATTCAAAATTGCAAGGATACAACATCA
[A, G]
CATACAAAATT CAGCAGCATTCATGCAAGAGCAAATAATCTAAAAAAAGAAAAG
AAAAAAACAGAAATAATCCCATTATAATAGCTACAAATAAAACACCTAGGA
ATAAACCATAACAAAGAAGTGAAAGATTCTACAATGAAAACACTATAAAACTGATGAAA
GAAATTGAAATGACATTAAAAATGGAAAGGTATTCCATGTTCATGGATTGCAAGAATC
AATATTGTTAAATGTCCATATGATCCAAAACAATCTACAGATTCAATGCAATCCCTATC

14808 TGTGGATTATTGTGGGTTCTTATTCTGTTCCATTGGTCTATGTGTCGTTTATGC
CA GTATCATGCAGTTGATTATTACAGGTTGAGTATAATTGAAGTCAGGTCTATG
ATGCCTCCAGCTTGTCTTTCTCAGAATCTTATATTAGAAAACGTAAAGACTC
AACAAAAACCTGCTAGAACTGATAAACAAATTCAAAATTGCAAGGATACAACATCAA
CATACAAAATT CAGCAGCATTCATGCAAGAGCAAATAATCTAAAAAAAGAAAAG
[-, A]
AAAAAAACAGAAATAATCCCATTATAATAGCTACAAATAAAACACCTAGGA
TAAACCATAACAAAGAAGTGAAAGATTCTACAATGAAAACACTATAAAACTGATGAAAG
AAATTGAAATGACATTAAAAATGGAAAGGTATTCCATGTTCATGGATTGCAAGAATCA
ATATTGTTAAATGTCCATATGATCCAAAACAATCTACAGATTCAATGCAATCCCTATCA
AAATACCAATGACATTCTCATTGAAATAAAAAAGCCTAAATTAAAGTGGAAACCAT

15086 AATAATCTTAAAAAAAGAAAGAAAAACAGAAATAATCCCATTATAATAGCTAC
AAATAAAATAAAACACCTAGGAATAAACCATACCAAAGAAGTGAAAGATTCTACAATGA
AAACTATAAAACACTGATGAAAGAAATTGAAATGACATTAAAAATGGAAAGGTATTCC

FIG. 3-25

ATGTTCATGGATTGCAAGAACATATTGTTAAAATGCCATATGATCCAAAACAATCTA
 CAGATTCAATGCAATCCCTATCAAATACCAATGACATTCTCATTGAAATAAAAAAAA
 [-, A, G]
 CCTAAAATTAACTGGAACCATGAAGGTAGATGTCTGCTATACATAGAAGATTAAAGTACT
 CAACAAACCTTGAATATGAAGACTGGGGAAAGTGAATAGGCAGCTTCACTCTCTATTCCC
 TGGTGAATTTAGGAGAACGGATGGATTTTATAATGGGTAGCAGTTCTTACATGTTCTCAA
 TCAGCCATAACTTACTACAGTCATTGAATTATTGCATTGAATATATTGGATTAAAA
 ATAAAATCCTAAAAAAGGAGAGAACATATAAACCTGCGTCTATTGATGTGTTCT

15414 TAGATGTCGCTATACATAGAAGATTAAAGTACTCAACAAACCTGAATATGAAGACTGGG
 GAAGTGAATAGGCAGCTTCACTCTTCTATTCCCTGGTAAATTAGGAGAATGGATGTT
 TATAATGGGTAGCAGTTCTTACATGTTCTCAATCAGCCATAACTTACTACAGTCATT
 GAATTATTGCATTGAATATATTGGATTAAAATAAACTCTAAAAAGGGAGAGAAC
 CATATAAACCTGCGTCTATTGATGTGTTCTTCTTGTGGGTGACTTTGTTTGAA
 [A, G]

TAAAACCTGCAAATAACAGGACAGGGTGGAGGGAGATGGGATCCCTCTTATGAAGA
 AGCAGCAGCCTGTTTATCACCTCTTCAATTCTGTTATTGAGAATTCAAGAAGAAC
 GGAGGAAGAGTCACATCCACAGACTGGTGTGGTTGAATAGTGTCTCTACTGTATTCCA
 AATAGCAGCCAATGAGGCTGTTACAGTGAAGCCAGTCCCAAGATAATTGTTCTGTACCCCC
 TATTCTCTAAGAAGCTAAATTGTGTTAGACTGAAACCCATAAGGAACCATTGTTCAAAGT

15722 TGAAAATAACAGGACAGGGTGGAGGGAGATGGGATCCCTCTTATGAAGAACAGCA
 GTCTGTTTATCACCTCTTCAATTCTGTTATTGAGAATTCAAGAAGAACGGAGGAGAA
 GAGTTCACATCCACAGACTGGTGTGGTTGAATAGTGTCTCTACTGTATTCCAATAGCA
 GCCAATGAGGCTGTTACAGTGAAGCCAGTCCCAAGATAATTGTTCTGTACCCCTATTCTC
 TAAGAAGCTAAATTGTGTTAGACTGAAACCCATAAGGAACCATTGTTCAAAGTGGCTTG
 [T, C]
 TCAAAAGTAAAGATTAAATAGTTCTTAATTAGATTATTCTAAGACATAGAATT
 ATGATTACTATTATCTCTATAATTTCATCTCTATAACGTTACAAATACTGAAATAA
 CCTTTGGAAAAAATTGGCTTTAGCTTACTTTGCAATTATTATTTATCCCCATAAA
 AGCCTAGGAAATTGGTACTATGACTTTAGTATGTTCTATTAAATAGATGAAACACAGAA
 ACTCAAAGATGTTAAATATGGTGGCCAAGTTCACAAAGCTGATCATTAAACAACAGGG

15861 GGTGTGGTTGAATAGTTGTCCTACTGTATTCCAAATAGCAGCCAATGAGGCTGTTACAG
 TGAAGCCAGTCCCAAGATAATTGTTCTGTACCCCTATTCTCTAAGAAGCTAAATTGTT
 AGACTGAAACCCATAAGGAACCATTGTTCAAAGTGGCTGTTCAAAGTAAAGATT
 AATAGTTCTCTTAATTAGATTATTCTAAGACATAGAATTATGATTACTATTCT
 CTATAATTTCATCTCTATAACGTTACAAATACTGAAATAACCTTGGAAAAATTGGC
 [T, C]
 TTTAGCTTACTTTGCAATTATTATTTATCCCCATAAAAGCCTAGGAAATTGGTACT
 ATGACTTTAGTATGTTCTTAATAGATGAAAACACAGAAACTCAAAGATGTTAAATAT
 GGTGGCCAAGTTCACAAAGCTGATCATTAAACAACAGGGCTGAACCTCTGGTTCT
 GATTTAATCTGTGACAGTGCACCTGGTGCACATGCATCACCCCCACACTTGACA
 TAGAACCTTCTAGTTGGCTTGTCCATGATGACCATTACTGTTCTTACTTC

FIG. 3-26

SEQUENCE LISTING

Docket No.: CL001186DIV
 Serial No.: (to be assigned)
 Inventors: Gennady V. MERKULOV et al.
 Title: ISOLATED HUMAN LIPASE PROTEINS, ...

16264	CTCAAAGATGTTAAATATGGTGGCCAAGTCACAAAGCTGATCATTAACAACAACAGGGC CTGAACCTCGGTTCTGATTAATCTGTGACAGTCACCTGGTGCGCATGCATGCAT CACCCCCACACTGCACATAGAACCTTCCTAGTTGGCTTGCTCCATGATGACCATTAC TGTCCTCTACTTCAAAATAAGCAAATTATCCTACAGATTAGCAGAGCTGGTACAGGTGT CTGTCAAGCAGCCCATTCCATTAGTCAGCTGTGGTTCACTCACATTAAAGTATTGACCT [A,T] AATGGTATTTATCTAGATAATTCTACCTTGTATTTCAAAGCCCCAGTCITGTTGC TAATTCTGTGCATCATTTCTGATTCTGAAAGGAAAATTGGTGGCAATTGCTG TAATATGAGTTTATCTCCTTAGAGTCGAATGGATGTGTATATGTCACATGCTCCACT GGTTCATCAGTACACAACATTCTGCATATAAAACAGGTAGAGTCCTAGTCATGGAAAACC ATTCAATCCTATTTCAATATATTAAAAAGACAGAATTGACCTGTTAACAGGCCA
16314	ACAACAGGGCCTGAACCTCGGTTCTGATTAATCTGTGACAGTCACCTGGTGCGC ATGCATGCATCACCCCCACACTGCACATAGAACCTTCCTAGTTGGCTTGCTCCATGA TGACCATTACTGTCCTCTACTTCAAAATAAGCAAATTATCCTACAGATTAGCAGAGCTGG TACAGGTGTGCTGTCAGCAGGCCATTCCATTAGTCAGCTGTGGTTCACTCACATTAAA GTATTGACCTAAATGGTATATTATCTAGATAATTCTACCTTGTATTTCAAAGCCCCA [G,A] TCTTGTGCTAATTCTGTGCATCATTTCTGATTCTGAAAGGAAAATTGGTGG GCAATTGCTGTAATATGAGTTTATCTCCTTAGAGTCGAATGGATGTGTATATGTCACA TGCTCCCACGGTTCATCAGTACACAACATTCTGCATATAAAACAGGTAGAGTCCTAGTC ATGGAAAACCATTCCAATCCTTATTTCAATATATTAAAAAGACAGAATTGACCTGTT AACAGGCCCTACCCCTAAGAATCTTAAGAGCTGCTCCAGTTGTCCTGCTGCCCTGT
16877	TAAGAGCTGCTTCAGTTGTCCTGCTGCCTTCTGTATGCCTGATTTCCCTGGAATT TAAGAGAAAGGATGTTATGGTACAGACCAAGTAGATGACATAATGAACACCACCTAAA TCAGAGTTAAAAATAGGCCCTGAACTGAAGCAAGAGGTAAACTAGGGAAAGCCTCAGGA GAACTGAGACTTCTCCAGAGAGAAGTATCTGGATTAACTTCTTCTAATGAGGCTGG TTTCCATGAACTTTCTTAAACCAAGGGGGTATTGCTCATCTTCTGTTGAGCCCC [A,G] TTGTCATAATTGAAAATGGTGGTACATCCCTCTGGTATCTAGGAGCCATTTC GTCCCTAGCATACAGCATTTCTAAATTGCTGTTAGCTTCATGATTCTACCTAAC TATTCTTTCTAAAAACATTGTTCTGAGCTTACCACTCTGATGAATTGAGCTTAT GACTGGGAAATGACGCTGATAATATGAAACATTACAATCAGGTGAGCTATTACAGTAA CCCCAGCATGCTGATTGATAAAATTATAATAAAATTATTGAGGGTGGAAAGACTCC
16966	AGTAGATGACATAATGAACACCACCTTAAATCAGAGTTAAAAATAGGCCCTGAACCTG AAGCAAGAGGTAAACTAGGGAAAGCCTCAGGAGAACTGAGACTTCTCCAGAGAGAAGTATC TGCGATTAACTTCTTCTAATGAGGCTGGTTTCCATGAACCTTCTTAAACCAAG GGGGGTATTGCTCATCTTCTGTTGAGCCCCATTGCTATAATTGAAAATGGTGGTTA CATCCCTCTGGTATCTAGGAGCCATTTCGTCCTAGCATACAGCATTTCTAAAAT [T,G] TGCTGTTAGCTTCTGATTCTACCTAACTATTCTTTCTAAAAACATTGTTCA GCTTACCACTCTGATGAATTGAGCTTATGACTGGGAAATGACGCTGATAATATGAA ACATTACAATCAGGTGAGCTATTACAGTAACCCAGCATGCTGATTGATAAAATTATA

ATAAAAAAATTATTTGAGGGTGGAAAGACTCCTACCTGTCACTGGTGGCATTTATACTGA
TAGAACTTTTTAAAAAAATTAAATTAAATTAAATTTCAGAAAATTATAA

17147 GGGTATTGCTCATCTTGTGAGCCCCATTGTCTACATTTGTAATGGTAAAGGGTGGTAC
ATCCTCTGGTGATCTAGGAGCCCTATTTCGTCTAGCATAACGATTTCTAAAATT
TGCTGTAGCTTCTATGATTCTACCTTAACATTCTTTCTAAAAAACATTGTTCA
GCTTACCACTCTGATGAATTAGAGCTTATGACTGGGAAATGACGCTGATAATATGAA
ACATTACAATCAGTGAGCTATTACAGTAACCCAGCATGCTGATTTGATAAATTATA
[A,G]
TAAAAAAATTATTTGAGGGTGGAAAGACTCCTACCTGTCACTGGTGGCATTTATACTGAT
AGAACTTTTTAAAAAAATTAAATTAAATTAAATTTCAGAAAATTATAA
TTAAAGAAGCATATACAAAGAAACTACATCATGTGTAATCCTCCATCCAGAGATAACT
AGATGACTAACATTGGTGTATTACCAATTCTCAGTATTATATTGCTTTAGA
CAACTTTAATCTTCTATTAAAGCTATAGTAAGAGATAACTAATATACTGAGG

17219 ATCTAGGAGCCCTATTTCGTCTAGCATAACGATTTCTAAAATTGCTGTTAGCTT
TCATGATTCTTACCCCTAACTATTCTTTCTAAAAAACATTGTTAGCTTACCACTC
TGATGAATTCAAGAGCTTATGACTGGGAAATGACGCTGATAATATGAAACATTACA
GGTAGCTATTACAGTAACCCAGCATGCTGATTTGATAAATTATAATAAAAAATTAT
TTGAGGGTGGAAAGACTCCTACCTGTCACTGGTGGCATTTACTGATAGAACTTTTT
[T,C]
TAAAAAAATTAAATTAAATTAAATTAAATTTCAGAAAATTATAAAATTAAAGAAGCAT
ATACAAAGAAACTACATCATGTGTAATCCTCCATCCAGAGATAACTAGATGACTAAC
ATTTCGGTGTATTACCAATTCTCAGTATTATATTGCTTTAGACAACCTTTAATC
TTCTATTAACTTAAGCTATAGTAAGAGATAACTAATATAACTGAGGGATTAAATG
CATTTAAATGGCTACATAATAGAAATTATTCAAAAAATCTTACAGCATAATGAAT

18628 AAAATGAAACAAAATCAACACGCACATTCAAGATCATTGGTCAAGTACTAAAGTATGT
GAGAGTGTAAATGTCCTAGAATTGGCACAGTAGCTGGTCTACTCTGCTCCAAGCC
GGTCCATTGGTGAATTAACTCTATTGATGCCATTTCATTACATTCTCTCCAAAAAA
ACTAGTCTCAACAGTTGCTCTCCTCAAGTTACAGCATTATCTCTGCTATATCTATA
TTTATTGAGTATAAGAGAATTAAACCATGTAAGCTCCATGAGGGTAGGGATTCTCATC
[A,G]
TTTGTTCACCAGTGTTCTCATCTGAAGAGTACATGACAATTACTGGCTCCAGTA
TCTATGTGTCATTAATGAAATTCTTAACATTAACTACCTCAAATGTCTCTATCTT
CTTGATTCTCTCCTCCTCTATCAGAAAATGATGGTCTCTTATTTCAGTT
TCCGGTCTGTGCCCTTGATCCCCTCTCACTCCCTCCTGCCTCCATT
TCCTGTCCTTATGAAAAACAAGCAAGACCATACTCAAGTTATCATTATGTCAC

18655 TCAAGATCATTATGGTCAAGTACTAAAGTATGTGAGAGTGTAAATGTCCTAGAATTGG
CCACAGTTAGCTGGTCTACTCTGCTCCAAGCCGGCCTATTGTGAATTAAATCTCATT
TGATGCCATTAACTACATTCTCTCCAAAAAAACTAGTCTCAACAGTTGCTCTCCT
CAAGTTACAGCATTATCTGCTATATCTATATTGAGTATAAGAGAATTAAACCC
ATGTAAGCTCCATGAGGGTAGGGATTCTCATCGTTGTCACCAGTGTCTCATCT
[T,G]

FIG. 3-28

	GAAGAGTACATGACAATTACTGGGCTCCCAAGTATCTATGTGTCGATTAATGAAATTCT TAACTTTAACCTACCTAAAATGTCCTATCTTCTGATTCTCCTCCCTTCTCTATC AGAAAATGATGGTCCTCTATTTCAGTTTCCAGGCTCTGCCCCATCCCACATCT CTTCTCACTCCCCCTCCTGCCTCCATTCTCCTGTCCTTATGAAAAACAAAGCAAG ACCATCAATTCTATCAAGTTATCATTATGTCACTCTGTTCTTATCACATATTAGTA
18984	CAGTATCTATGTGTCGATTAATGAAATTCTTAACCTTAATCTACCTAAAATGTCCT ATCTTCTGATTCTCTCCTCCTTCTCTATCAGAAAATGATGGCCTCTTATTTC GTTATTCCGGCTCTGCCCCATCTCTCACTTCCCTCCTGCCTC CATTCTCCTGTCCTTATGAAAAACAAAGCAAGACCATAATTCTATCAAGTTATCATTAT GTCACTCTGTTCTTATCACATATTAGTATTGAAGAGGGCTCTACTACTCCT [G, T] AACCTTGACAATGTAGTTAGGTCTTCATCTTTTATCATAGCTACCTTATTAAAGTC ACCCATGGCTTTAATTGCCAATTCAATGGCTATCTCACCTTTGAAATGTGTTATG TTCGTTACACAGTCTCCTGAAACTCAGTCCCCGACTTGGACTTCCATAACACAATGA TTTCTGATTTCCTCTGTTGTGATTGTCCTTTGTCCTCAGGCACTGGCTACTCCACC TTCCACCTCTGAAATCATTAGCATTCCCCAAGGATTCTCAAAACTCTTCTCCT
19407	CGTTACACAGTCTCCTGAAACTCAGTCCCCGACTTGGACTTCCATAACACAATGATT TCTGATTTCCTCTGTTGTGATTGTCCTTTGTCCTCAGGCACTGGCTACTCCACCTT CCACCTCTGAAATCATTAGCATTCCCCAAGGATTCTCAAAACTCTTCTCCT GAGAAGTCAGCATAGCTTAATTGGACCATTTCTATGGTTATCTAGATTTCAGGA CTTGCCTTCAACCTATTCTCTGAGGTGATTCCATTAACTGTTGCCATATGGTAGTC [C, T] GAAGACAGACCTCCGAGAAATGACCTTGCTCCAAAACCTCCGCAATATGTCAAATT CCTAGCCTGACATTAGACTTGTGATTATCTGCCTCCAAGTTATATCCTATCATATTCT TTATATATTCTGTTCTCCAGGTACACTGGAGCTGCTTGCATTCTGATCATAGCCTACAA ACTCTTCTGCTCCACTCACCCTCATCTGCTGTCAAATGCAACCTCCCTCAAGA GTCATTTCACAGGACCCCTTTCTATGAAGCCCTCAGGTGAAATAATTTCAGCTT
19531	CTCTCTGAAATCATTAGCATTCCCCAAGGATTCTCAAAACTCTTTCTCCTGGAGA AGTCAGCATAGCTTAATTGGACCATTTCTATGGTTATCTAGATTTCAGGACTTG CCTTCAACCTATTCTCTGAGGTGATTCCATTAACTGTTGCCATATGGTAGTC GACAGACCTCCGAGAAATGACCTTGCTCCAAAACCTCCGCAATATGTCAAATT AGCCTGACATTAGACTTGTGATTATCTGCCTCCAAGTTATATCCTATCATATTCT [T, C] ATATTCTGTTCTCCAGGTACACTGGAGCTGCTTGCATTCTGATCATAGCCTACAAACTC TTCTGCCTCCACTCACCCTCATCTGCTGTCAAATGCAACCTCCCTCAAGAGTC TTTCACAGGACCCCTTTCTATGAAGCCCTCAGGTGAAATAATTTCAGCTT CCATTTCAGGTGTTATGGCATTAAACATACCTTACTTTGTATACAAATATT GCCTTGCTCCCTTTGCAAATTCTTAAAGGTAGAGACCATTGTATGTTCTTCATA
19911	CTCATCTGCTGTCAAATGCAACCTCCCTCAAGAGTCATTTCACAGGACCCCTTT CTATGAAGCCCTCAGGTGAAATAATTTCAGCTTCCATTTCAGGTGAGTG TTATGGCATTAAACATACCTTACTTTGTATACAAATATTGCCTGCTCCCTTTGC

FIG. 3-29

AAATTTCTTAAAGGTAGAGACCATTGTATGTTTCTCATATGTTGCTGGTGCCTAACAG
 AACTATGGCCATTGTCCACATTCACTTAGCAGCCTTGTAGTTATTGCTTGAGGAGCTT
 [C,T]
 CTCTCATGAATGCCCTGCTTCTCTCCCACAGAGTCATCCCCCTATATATGACCTGACT
 GCCATGAAAGTGCCTACTGCTATTGGGCTGGGACATGATGTCCTCGTAACACCCAG
 GATGTGGCCAGGATACTCCCTCAAATCAAGAGTCTTCATTACTTAAGCTATTGCCAGAT
 TGGAACCACTTGATTTGCTGGGCTCGATGCCCTCAACGGATGTACAGTGAAATC
 ATAGCTTAATGAAGGCATATTCTAAATGCAATGCATTACTTTCAATTAAAAGTTGC

20199 TTTGAGGAGCTTCTCATGAATGCCCTGCTTCTCTCCCACAGAGTCATCCCCCTAT
 ATATGACCTGACTGCCATGAAAGTGCCTACTGCTATTGGGCTGGGACATGATGTCCT
 CGTAACACCCAGGATGTGGCCAGGATACTCCCTCAAATCAAGAGTCTTCATTACTTAA
 GCTATTGCCAGATTGGAACCACTTGATTTGCTGGGCTCGATGCCCTCAACGGAT
 GTACAGTGAAATCATAGCTTAATGAAGGCATATTCTAAATGCAATGCATTACTTT
 [A,G]
 ATTAAAAGTTGCTTCCAAGCCCATAAGGGACTTTAGAAAAAATGGTAACCAACAATGAGG
 TTGTCCCCCAGCACCCCTGGGGAGATGCACAGTGGAGTCTGTTTCCAAGTCATTGTT
 TAGTGTATTATGTTAGAGACATCTTGATGGACCATCTACAGGTCTTATAAACAA
 ATGAGGTAGATTAGGCAAAAAGATAAACAAAGTTGCTACTCTATCTGGATTAAAGTCTAA
 TAAATTGTAATTAGGGCATACCATGAAGTATAGAAATGTCAGCTCAAAGGAA

20243 AGAGTCATCCCCCTATATATGACCTGACTGCCATGAAAGTGCCTACTGCTATTGGGCTG
 GTGGACATGATGTCCTCGTAACACCCAGGATGTGGCCAGGATACTCCCTCAAATCAAGA
 GTCTTCATTACTTAAAGCTATTGCCAGATTGGAACCACTTGATTTGCTGGGCTCG
 ATGCCCTCAACGGATGTACAGTGAAATCATAGCTTAATGAAGGCATATTCTAAATGC
 AATGCATTACTTTCAATTAAAAGTTGCTTCCAAGCCCATAAGGGACTTTAGAAAAAAT
 [G,A]
 GTAAACCAACAATGAGGTTGTCCTTCCAGCACCCCTGGGGAGATGCACAGTGGAGTCTGTT
 TCCAAGTCATTGTTAGTGTATTATGTTAGAGACATCTTGATGGACCATCTA
 CAGGTCTTATAAACAAATGAGGTAGATTAGGCAAAAAGATAAACAAAGTTGCTACTCTATC
 TGGCATTAAAGTCTAATTAAATTGTAATTAGGGCATACCATGAAGTATAGAAATGTC
 TGAAGCTCAAAGGAACAGTGAATTCTTAAGGTCTATATGGAAACCTCTGTTGTC

20640 GACATCTTGATGGACCATCTACAGGTCTTATAAACAAATGAGGTAGATTAGGCAAAA
 AGATAAACAAAGTTGCTACTCTATGGCATTAAAGTCTAATTAAATTGTAATTAGGG
 CATACCATGAAGTATAGAAATGTCGAAGCTTCAAAGGAACAGTGAATTCTTAAAGT
 CCTTATGGAAACCTCTGTTGTCATTATGTTATGGATTGCTATGGCAATGGACAGAG
 TGTGGGATTAGGAGGGCTGTAACCTTATAAAAGTTCTTAGCTATCCTGAAGA
 [T,C]
 GTATAGACATTTCATTAGGTATTTCACATCAGAAATTCAAAAGTCCCCAA
 AGATTCTCCAGAGAAGCCCTTTCTTACAATCTTATCCCTGGCTATCTCGTAAACG
 GAATCTGAACCCATAATAGGATACATGTATAAAATCTCCTTATTAAAGCAGAAATAAA
 TTGTACAGCATCAATATCATTATAATCATAGGGAGGTTCTTGTTAGCATGTAATG
 CCCCTTACAGGCTTTGTTGAGGGTTGAACATTCCATGAAAACGTGACAGA

21156 AGGCTTCTTGTAGCATGTAATGCCCTTACAGGCCTTGGCTTGAGGGTTTGAACATTCCATGAAACTGACAGATAGGAAACTGACAATAAAAGATTGAGCTAAAGATGGAAGCAGAAAAGTACTAGGCTAGATAGTCTCTAACATTAAGTATTTCTCCTCCATCTTAAAAGCAATGAGAAGCCACCAAAATATTTACCTAATGGAAACCTGATTGCCGATTGGTAAACCACCTTGGCTGCTACATAGAGAATGGATTAGAAGATGCCAACAAAAGATTCT[G,C]AGCAAGTCTGAAATCTGATCAAGTGTCTGATGCAGGCTGATATCCTCTGTGCTAAGAGAGATGATCCTGGAAAATCCAGAGCCAGCTCCATAATACTTCTGCTCTGCTGGCAATTCCACAATGAGAAGCCACCAAAATATTTACCTAATGGAAACCTGATTGCCGATTGGTAAACCAACACTTGGCTGCTACATAGAGAATGGATTAGAAGATGCCAACAAAAGATTCTGAGCAAG[A,T]CTGTAATCTGATCAAGTGTCTGATGCAGGCTGATATCCTCTGTGCTAAGAGAGATGATCCTGGAAAATCCAGAGCCAGCTCCATAATACTTCTGCTCTGCTGGCAATCCACAAAGCTGCTGGCCCTGGAGCCATTCTCTCAAAAGTAGCATTCAATTAAATGTATACGTATTGATGGGAATAATGGTCACTATGAAAACCATGTGATAATATGGAAAAATACCCATGATATAATGTTATGTGAAGAGAAGAAAATGAAACTGGTAGAACTATGTGATTGCAAATAT

21163 TTTGTTAGCATGTAATGCCCTTACAGGCCTTGGCTTGAGGGTTTGAACATTCCATGAAACTGACAGATAGGAAACTGACAATAAAAGATTGAGCTAAAGATGGAAGCAGAAAGTACTAGGCTAGATAGTCTCTAACATTAAGTATTTCTCCTCCATCTTAAAAGCAATGAGAAGCCACCAAAATATTTACCTAATGGAAACCTGATTGCCGATTGGTAAACCAACCACTTGGCTGCTACATAGAGAATGGATTAGAAGATGCCAACAAAAGATTCTGAGCAAG[A,T]CTGTAATCTGATCAAGTGTCTGATGCAGGCTGATATCCTCTGTGCTAAGAGAGATGATCCTGGAAAATCCAGAGCCAGCTCCATAATACTTCTGCTCTGCTGGCAATCCACAAAGCTGCTGGCCCTGGAGCCATTCTCTCAAAAGTAGCATTCAATTAAATGTATACGTATTGATGGGAATAATGGTCACTATGAAAACCATGTGATAATATGGAAAAATACCCATGATATAATGTTATGTGAAGAGAAGAAAATGAAACTGGTAGAACTATGTGATTGCAAATAT

21425 AATGGATTAGAAGATGCCAACAAAAGATTCTGAGCAAGTCTGAAATCTGATCAAGTGTCTGAGCTGATATCCTCTGTGCTAAGAGAGATGATCCTGGAAAATCCAGAGCCAAGCTCCATAATACTTCTGCTCTGCTGGCAATCCACAAAGCTGCTGGCCCTGGAGCCATTCTCTCAAAAGTAGCATTCAATTAAATGTATACGTATTGATGGGAATAATGGTCACTATGAAAACCATGTGATAATATGGAAAATACCCATGATATAATGTTATGTGAAGAG[A,G]AGAAAATGAAACTGGTAGAACTATGTGATTGCAAATATACAAATATTTAAACATTATGACTTTATAAAATATTTGTATATAATGAAAAGTAGAAGCAATATAAAAATAAAATTAGTTGTGTCAGGGTAGTAACATGATGAGTGATTAGTTAAATTTAAATATAGTAATGACATAATGTTACAACCTGTCCAATCTCACAAACATAATATTCAAGTAAAGGAAGATAAACATAAAAGAATACATATTTATTACATTGTTATGTAGGCTAATTGATGGTCTGAAAGC

Chromosome map:
Chromosome 10